PCT WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro
INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6 :
C12N 15/00

A2

(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/54448

(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Oktober 1999 (28.10.99)

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01178

(22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99)

(30) Prioritätsdaten:
198 17 947.2 17. April 1998 (17.04.98) DE

(71) Anmelder *(für alle Bestimmungsstaaten ausser US)*: METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D–14195 Berlin (DE).

(72) Erfinder; und
(75) Erfinder/Anmelder *(nur für US)*: SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D–12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D–13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D–14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich–Lange–Strasse 13c, D–01474 Schönfeld–Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore–Procheska–Strasse 6, D–14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D–10115 Berlin (DE).

(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).

Veröffentlicht
Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES OF UTERUS MYOMA TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS UTERUSMYOMGEWEBE

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of uterus myoma tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Uterusmyomgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland			TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko		
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun			PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

Menschlich Nukleinsäuresequenz n aus Ut rusmyomgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Uterusmyomgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.
Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Uterusmyom, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirugische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenanten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genb reichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschrieb ne Fehler weitgehenst vermieden w rden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen

Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No. 31 und Seq. ID 52 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Uterusmyom eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 14-18, 30, 31, 52.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 14-18, 30, 31, 52.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 14-18, 30, 31 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31 und und Seq. ID 52, die im Uterusmyom erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 14-18, 30, 31, 52 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 14-18, 30, 31, 52 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕX174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.
Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos 32 - 51 und ORF ID Nos 53-55.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 32-51 und ORF ID Nos 53-55 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1-31 und Seq.ID No. 52 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 32 - 51 und Seq. ID Nos 53-55 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Uterusmyom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31 und Seq. ID 52 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Uterusmyom verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 und Seq. ID Nos 53-55 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen das Uterusmyom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Uterusmyom.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq.. ID No. 32 bis 51 und Seq. ID Nos 53-55 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1-31, 52, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID. No. 1-31, 52 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken g screent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1-31, 52 zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen v n Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren=	Unter Nukleinsäuren sind in der voliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
ORF =	Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
Contig =	eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
Singleton=	ein Contig, der nur eine Sequenz enthält
Modul =	Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
N =	wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
X =	wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match=	minimaler anfänglicher Identitätsbereich
maximum pads per read=	maximale Anzahl von Insertionen
maximum percent mismatch=	maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northern
Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Uterusmyomgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.
Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Protein kodierende Regionen untersucht.

Beispi l 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz *S*, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homolgiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz *S* werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 30 gefunden, die häufiger im Uterusmyomgewebe als im Normalgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef

Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0109	0.0021	5.1181	0.1954
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0068
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 31 gefunden, die .häufiger im Uterusmyomgewebe als im Normalgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0224			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
Zervix	0.0213			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0028
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0036
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0254
Niere	0.0062
Placenta	0.0303
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

In analoger Verfahrensw ise wurden auch folgende Northerns gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0468	0.0562	0.8321	1.2018
Brust	0.0576	0.0752	0.7656	1.3062
Duenndarm	0.0766	0.0662	1.1586	0.8631
Eierstock	0.0509	0.0650	0.7829	1.2774
Endokrines_Gewebe	0.0596	0.0702	0.8491	1.1778
Gastrointestinal	0.0690	0.1203	0.5735	1.7438
Gehirn	0.0850	0.0873	0.9741	1.0266
Haematopoetisch	0.0722	0.0379	1.9056	0.5248
Haut	0.0918	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0143	0.1100	0.1298	7.7066
Herz	0.1123	0.0275	4.0862	0.2447
Hoden	0.0518	0.0819	0.6325	1.5809
Lunge	0.1080	0.0879	1.2287	0.8138
Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0307	2.2059	0.4533
Muskel-Skelett	0.0737	0.0780	0.9445	1.0587
Niere	0.0407	0.0890	0.4575	2.1857
Pankreas	0.0463	0.0552	0.8376	1.1939
Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0436	0.0554	0.7874	1.2700
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0534	0.1426	0.3741	2.6732
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0863			
Prostata-Hyperplasie	0.0535			
Samenblase	0.0890			
Sinnesorgane	0.0588			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0772			
Zervix	0.1171			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0139
Gastrointenstinal	0.0583
Gehirn	0.0500
Haematopoetisch	0.0590
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0462
Lunge	0.0578
Nebenniere	0.0254
Niere	0.0679
Placenta	0.0545
Prostata	0.2493
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0204
Eierstock_n	0.1595
Eierstock_t	0.0051
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0256
Gastrointestinal	0.0488
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0227
Hoden	0.0154
Lunge	0.0082
Nerven	0.0191
Prostata	0.0068
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
Brust	0.0128	0.0038	3.4026	0.2939
Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0021	0.0082	0.2540	3.9367
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0408	0.0000	undef
Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
Brust-Hyperplasie	0.0064			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0974
Gastrointenstinal	0.0333
Gehirn	0.0063
Haematopoetisch	0.0157
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0249
Lunge	0.0325
Nebenniere	0.0761
Niere	0.0618
Placenta	0.0727
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0384
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0259
Hoden	0.0000
Lunge	0.0328
Nerven	0.0171
Prostata	0.0137
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.1103	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0140	0.0010	13.6792		0.0731
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0815	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
Zervix	0.0000				

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0028
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0090
Prostata	0.0137
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.1695	0.0000	undef
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0883	0.1727	5.7919
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0278
Gastrointenstinal	0.0139
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0213
Lunge	0.0253
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0185
Placenta	0.0061
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0093
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0130
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0390	0.0332	1.1734	0.8522
Brust	0.0345	0.0414	0.8352	1.1973
Duenndarm	0.0399	0.0662	0.6024	1.6599
Eierstock	0.0359	0.0546	0.6579	1.5201
Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0351	1.5040	0.6649
Gastrointestinal	0.0172	0.0185	0.9319	1.0731
Gehirn	0.0214	0.0359	0.5965	1.6763
Haematopoetisch	0.0294	0.0379	0.7763	1.2881
Haut	0.0257	0.1695	0.1516	6.5954
Hepatisch	0.0476	0.0323	1.4706	0.6800
Herz	0.0276	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0633	0.0234	2.7059	0.3696
Lunge	0.0312	0.0266	1.1724	0.8530
Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0153	2.5211	0.3967
Muskel-Skelett	0.0308	0.0360	0.8567	1.1673
Niere	0.0326	0.0548	0.5948	1.6813
Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983	1.6714
Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0153	0.0319	0.4777	2.0934
Uterus_Endometrium	0.0473	0.0528	0.8962	1.1158
Uterus_Myometrium	0.0305	0.1019	0.2993	3.3415
Uterus_allgemein	0.0560	0.1908	0.2936	3.4065
Brust-Hyperplasie	0.0448			
Prostata-Hyperplasie	0.0446			
Samenblase	0.1513			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
Zervix	0.0426			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0974
Gastrointenstinal	0.0222
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0197
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0356
Lunge	0.0325
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0185
Placenta	0.0909
Prostata	0.1496
Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0136
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0051
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0099
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0324
Hoden	0.0231
Lunge	0.0328
Nerven	0.0131
Prostata	0.0068
Sinnesorgane	0.0077
Uterus_n	0.0208

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0429	0.1278	0.3356	2.9798
Brust	0.1036	0.1203	0.8613	1.1610
Duenndarm	0.0215	0.0992	0.2163	4.6240
Eierstock	0.0599	0.0702	0.8528	1.1726
Endokrines_Gewebe	0.0783	0.0426	1.8380	0.5441
Gastrointestinal	0.0249	0.0786	0.3167	3.1574
Gehirn	0.0429	0.1284	0.3341	2.9935
Haematopoetisch	0.0227	0.1136	0.2000	5.0008
Haut	0.0844	0.1695	0.4982	2.0073
Hepatisch	0.0523	0.0712	0.7353	1.3600
Herz	0.0922	0.1649	0.5590	1.7890
Hoden	0.0460	0.0585	0.7872	1.2704
Lunge	0.0447	0.0797	0.5601	1.7853
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0537	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.1490	0.1380	1.0801	0.9258
Niere	0.0489	0.0479	1.0196	0.9808
Pankreas	0.0149	0.1049	0.1417	7.0571
Penis	0.0509	0.1333	0.3819	2.6187
Prostata	0.0196	0.0319	0.6142	1.6282
Uterus_Endometrium	0.0676	0.1583	0.4268	2.3432
Uterus_Myometrium	0.0381	0.3260	0.1169	8.5541
Uterus_allgemein	0.0560	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0863			
Prostata-Hyperplasie	0.0297			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
Zervix	0.0213			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.1670
Gastrointenstinal	0.1444
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0629
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0889
Lunge	0.0759
Nebenniere	0.2535
Niere	0.1112
Placenta	0.1091
Prostata	0.1247
Sinnesorgane	0.1004

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0476
Eierstock_n	0.1595
Eierstock_t	0.0203
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0379
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0486
Hoden	0.0077
Lunge	0.0164
Nerven	0.0251
Prostata	0.0068
Sinnesorgane	0.0155
Uterus_n	0.0167

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
Duenndarm	0.0153	0.0331	0.4634	2.1579
Eierstock	0.0150	0.0104	1.4391	0.6949
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
Gastrointestinal	0.0096	0.0278	0.3451	2.8974
Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
Haematopoetisch	0.0254	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0143	0.0194	0.7353	1.3600
Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0058	0.0234	0.2460	4.0652
Lunge	0.0104	0.0245	0.4234	2.3620
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0051	0.0360	0.1428	7.0040
Niere	0.0244	0.0068	3.5687	0.2802
Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0218	0.0064	3.4121	0.2931
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0408	0.0000	undef
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0192			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0208			
Zervix	0.0213			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0278
Gastrointenstinal	0.0083
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0071
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0309
Placenta	0.0061
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0101
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0093
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0342
Haut-Muskel	0.0097
Hoden	0.0154
Lunge	0.0082
Nerven	0.0080
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0312	0.0460	0.6780	1.4750
Brust	0.0192	0.0282	0.6805	1.4694
Duenndarm	0.0368	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0210	0.0364	0.5756	1.7372
Endokrines_Gewebe	0.0290	0.0326	0.8882	1.1258
Gastrointestinal	0.0460	0.0231	1.9880	0.5030
Gehirn	0.0532	0.0585	0.9094	1.0996
Haematopoetisch	0.0361	0.0379	0.9528	1.0496
Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0048	0.0647	0.0735	13.5999
Herz	0.0699	0.0412	1.6961	0.5896
Hoden	0.0288	0.4210	0.0683	14.6349
Lunge	0.0343	0.0368	0.9314	1.0737
Magen-Speiseroehre	0.0773	0.0230	3.3614	0.2975
Muskel-Skelett	0.0497	0.0660	0.7528	1.3283
Niere	0.0353	0.1575	0.2241	4.4619
Pankreas	0.0165	0.0939	0.1760	5.6828
Penis	0.0299	0.0267	1.1232	0.8903
Prostata	0.0196	0.0298	0.6580	1.5197
Uterus_Endometrium	0.0270	0.1583	0.1707	5.8579
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
Brust-Hyperplasie	0.0192			
Prostata-Hyperplasie	0.0505			
Samenblase	0.0890			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0399			
Zervix	0.0319			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0417
Gastrointenstinal	0.0333
Gehirn	0.0313
Haematopoetisch	0.0197
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0783
Lunge	0.0217
Nebenniere	0.0507
Niere	0.0309
Placenta	0.0727
Prostata	0.0997
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0152
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0082
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0077
Lunge	0.0082
Nerven	0.0141
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0310
Uterus_n	0.0125

Elektronisch r Northern für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0468	0.0204	2.2882	0.4370
Brust	0.0205	0.0451	0.4537	2.2042
Duenndarm	0.0307	0.0331	0.9268	1.0789
Eierstock	0.0539	0.0468	1.1513	0.8686
Endokrines_Gewebe	0.0562	0.0527	1.0674	0.9369
Gastrointestinal	0.0249	0.0324	0.7692	1.3001
Gehirn	0.0333	0.0318	1.0451	0.9568
Haematopoetisch	0.0388	0.0379	1.0234	0.9772
Haut	0.0257	0.1695	0.1516	6.5954
Hepatisch	0.0095	0.0259	0.3676	2.7200
Herz	0.0540	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0173	0.0702	0.2460	4.0652
Lunge	0.0291	0.0491	0.5927	1.6872
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0206	0.1140	0.1803	5.5448
Niere	0.0733	0.0274	2.6765	0.3736
Pankreas	0.0264	0.0331	0.7977	1.2536
Penis	0.0269	0.0533	0.5054	1.9786
Prostata	0.0501	0.0341	1.4715	0.6796
Uterus_Endometrium	0.0541	0.2639	0.2049	4.8816
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0611	0.2494	4.0097
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0512			
Prostata-Hyperplasie	0.0386			
Samenblase	0.0623			
Sinnesorgane	0.0470			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0286			
Zervix	0.0426			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0557
Gastrointenstinal	0.0666
Gehirn	0.0626
Haematopoetisch	0.0786
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0260
Herz-Blutgefaesse	0.0818
Lunge	0.0867
Nebenniere	0.0761
Niere	0.0432
Placenta	0.0606
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0628

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Eierstock_n	0.1595
Eierstock_t	0.0051
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0256
Gastrointestinal	0.0732
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0551
Hoden	0.0309
Lunge	0.0737
Nerven	0.0231
Prostata	0.0137
Sinnesorgane	0.0310
Uterus_n	0.0333

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N	
Blase	0.1131	0.1431	0.7900	1.2659	
Brust	0.1356	0.1692	0.8015	1.2476	
Duenndarm	0.1962	0.0165	11.8636		0.0843
Eierstock	0.1827	0.2446	0.7471	1.3385	
Endokrines_Gewebe	0.1090	0.1329	0.8202	1.2192	
Gastrointestinal	0.1878	0.2590	0.7248	1.3797	
Gehirn	0.1035	0.1325	0.7814	1.2798	
Haematopoetisch	0.2700	0.1894	1.4257	0.7014	
Haut	0.1358	0.0847	1.6028	0.6239	
Hepatisch	0.0428	0.1812	0.2363	4.2311	
Herz	0.2586	0.0137	18.8118		0.0532
Hoden	0.0633	0.1403	0.4510	2.2174	
Lunge	0.3231	0.2229	1.4495	0.6899	
Magen-Speiseroehre	0.1643	0.2147	0.7653	1.3066	
Muskel-Skelett	0.1970	0.0960	2.0524	0.4872	
Niere	0.1222	0.2328	0.5248	1.9055	
Pankreas	0.0876	0.1767	0.4955	2.0183	
Penis	0.1407	0.1600	0.8798	1.1366	
Prostata	0.1003	0.0766	1.3080	0.7645	
Uterus_Endometrium	0.1824	0.0528	3.4569	0.2893	
Uterus_Myometrium	0.1677	0.3804	0.4409	2.2681	
Uterus_allgemein	0.2292	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0735				
Prostata-Hyperplasie	0.0684				
Samenblase	0.1335				
Sinnesorgane	0.0470				
Weisse_Blutkoerperchen	0.2749				
Zervix	0.0958				

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0139
Gastrointenstinal	0.0639
Gehirn	0.1063
Haematopoetisch	0.1258
Haut	0.2513
Hepatisch	0.0260
Herz-Blutgefaesse	0.0712
Lunge	0.1517
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0988
Placenta	0.0909
Prostata	0.1745
Sinnesorgane	0.0377

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0136
Eierstock_n	0.3190
Eierstock_t	0.0709
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0326
Gastrointestinal	0.1464
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.1328
Hoden	0.0154
Lunge	0.2211
Nerven	0.0311
Prostata	0.0410
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0333

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
Brust	0.0064	0.0113	0.5671	1.7633
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0240	0.0234	1.0233	0.9772
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
Gehirn	0.0022	0.0257	0.0864	11.5747
Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765	0.2720
Herz	0.0276	0.0275	1.0023	0.9977
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
Lunge	0.0083	0.0245	0.3387	2.9526
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
Niere	0.0081	0.0616	0.1322	7.5658
Pankreas	0.0165	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026
Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0951	0.0802	12.4748
Uterus_allgemein	0.0968	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0096			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0706			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0106			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0139
Gastrointenstinal	0.0278
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0708
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0320
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0124
Placenta	0.2121
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0233
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0648
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0010
Prostata	0.0068
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0351	0.3093	0.1135	8.8135
Brust	0.0269	0.0470	0.5716	1.7493
Duenndarm	0.0092	0.0662	0.1390	7.1929
Eierstock	0.0569	0.0182	3.1248	0.3200
Endokrines_Gewebe	0.0528	0.0502	1.0528	0.9498
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
Gehirn	0.0022	0.0873	0.0254	39.3541
Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0220	0.5085	0.0433	23.0839
Hepatisch	0.0285	0.0582	0.4902	2.0400
Herz	0.0191	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0114	0.0061	1.8628	0.5368
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
Muskel-Skelett	0.0771	0.0540	1.4278	0.7004
Niere	0.0489	0.0137	3.5687	0.2802
Pankreas	0.0264	0.0442	0.5983	1.6714
Penis	0.0090	0.1066	0.0842	11.8713
Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
Uterus_Endometrium	0.0743	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0381	0.1494	0.2551	3.9206
Uterus_allgemein	0.0153	0.0954	0.1601	6.2452
Brust-Hyperplasie	0.0096			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0696
Gastrointenstinal	0.4387
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.2713
Haut	0.0000
Hepatisch	1.6121
Herz-Blutgefaesse	0.0605
Lunge	0.1770
Nebenniere	1.1663
Niere	0.8092
Placenta	0.7635
Prostata	0.0499
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0612
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.1114
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.4665
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0030
Prostata	0.0068
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0291

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0078	0.0204	0.3814	2.6222
Brust	0.0256	0.0432	0.5918	1.6899
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
Gehirn	0.0074	0.0216	0.3428	2.9168
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0115	0.0468	0.2460	4.0652
Lunge	0.0031	0.0082	0.3810	2.6245
Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0000	0.0300	0.0000	undef
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
Penis	0.0210	0.1066	0.1966	5.0877
Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0883	0.3453	2.8959
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0160			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0356			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
Zervix	0.0639			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0028
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0145
Nebenniere	0.0761
Niere	0.0247
Placenta	0.0061
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0408
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.1266
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0047
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0032
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0030
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0208

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0195	0.0051	3.8136	0.2622
Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0150	0.0130	1.1513	0.8686
Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0150	1.0189	0.9815
Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0133	0.0133	0.9969	1.0031
Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
Herz	0.0265	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0042	0.0164	0.2540	3.9367
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0069	0.0540	0.1269	7.8795
Niere	0.0217	0.0274	0.7930	1.2610
Pankreas	0.0165	0.0055	2.9915	0.3343
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0087	0.0170	0.5118	1.9538
Uterus_Endometrium	0.0338	0.2111	0.1600	6.2484
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0475	0.1603	6.2374
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0320			
Prostata-Hyperplasie	0.0238			
Samenblase	0.0267			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
Zervix	0.0213			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0417
Gastrointenstinal	0.0139
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0157
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0427
Lunge	0.0253
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0124
Placenta	0.0121
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0051
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0035
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0065
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0050
Prostata	0.0137
Sinnesorgane	0.0155
Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
Brust	0.0026	0.0150	0.1701	5.8778
Duenndarm	0.0184	0.0496	0.3707	2.6973
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
Gehirn	0.0007	0.0072	0.1029	9.7228
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0086	0.0240	0.3569	2.8016
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0096			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0139
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0036
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0020
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0125

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0039	0.0153	0.2542	3.9333
Brust	0.0077	0.0038	2.0416	0.4898
Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0251	0.4755	2.1032
Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
Gehirn	0.0163	0.0246	0.6600	1.5152
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
Herz	0.0180	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
Lunge	0.0135	0.0082	1.6511	0.6057
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
Prostata	0.0196	0.0128	1.5354	0.6513
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0408	0.0000	undef
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0128			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0267			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0375
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0071
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0507
Niere	0.0124
Placenta	0.0061
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0012
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0097
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0050
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
Brust	0.0307	0.0338	0.9074	1.1021
Duenndarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
Eierstock	0.0509	0.0286	1.7792	0.5620
Endokrines_Gewebe	0.0375	0.0301	1.2453	0.8030
Gastrointestinal	0.0153	0.0093	1.6567	0.6036
Gehirn	0.0222	0.0452	0.4909	2.0372
Haematopoetisch	0.0160	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757	3.6266
Herz	0.0636	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
Lunge	0.0177	0.0532	0.3322	3.0104
Magen-Speiseroehre	0.0483	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0137	0.0960	0.1428	7.0040
Niere	0.0217	0.0685	0.3172	3.1524
Pankreas	0.0264	0.0055	4.7864	0.2089
Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0283	0.0341	0.8317	1.2024
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0671			
Prostata-Hyperplasie	0.0476			
Samenblase	0.0356			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
Zervix	0.0532			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0557
Gastrointenstinal	0.0278
Gehirn	0.0688
Haematopoetisch	0.0275
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0534
Lunge	0.0831
Nebenniere	0.1014
Niere	0.0741
Placenta	0.0182
Prostata	0.1247
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0203
Endokrines_Gewebe	0.0490
Foetal	0.0169
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0259
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0050
Prostata	0.0068
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0167

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
Brust	0.0371	0.0357	1.0387	0.9627
Duenndarm	0.0245	0.0331	0.7415	1.3487
Eierstock	0.0479	0.0390	1.2280	0.8143
Endokrines_Gewebe	0.0358	0.0326	1.0972	0.9114
Gastrointestinal	0.0153	0.0093	1.6567	0.6036
Gehirn	0.0229	0.0524	0.4376	2.2851
Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757	3.6266
Herz	0.0593	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
Lunge	0.0145	0.0491	0.2964	3.3743
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
Muskel-Skelett	0.0120	0.1140	0.1052	9.5055
Niere	0.0299	0.0616	0.4846	2.0634
Pankreas	0.0281	0.0055	5.0855	0.1966
Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0349	0.0319	1.0919	0.9159
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0679	0.2245	4.4553
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0576			
Prostata-Hyperplasie	0.0446			
Samenblase	0.0356			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
Zervix	0.0532			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0417
Gastrointenstinal	0.0333
Gehirn	0.0688
Haematopoetisch	0.0275
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0427
Lunge	0.0867
Nebenniere	0.1268
Niere	0.0741
Placenta	0.0182
Prostata	0.1247
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0253
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0326
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0518
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0090
Prostata	0.0137
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0208

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0351	0.0332	1.0561	0.9469
Brust	0.0269	0.0376	0.7146	1.3995
Duenndarm	0.0337	0.0992	0.3398	2.9425
Eierstock	0.0240	0.0312	0.7675	1.3029
Endokrines_Gewebe	0.0409	0.0075	5.4340	0.1840
Gastrointestinal	0.0268	0.0971	0.2761	3.6217
Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
Haematopoetisch	0.0013	0.2273	0.0059	170.0273
Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0095	0.0388	0.2451	4.0800
Herz	0.0223	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0173	0.0351	0.4920	2.0326
Lunge	0.0395	0.0900	0.4388	2.2792
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0857	0.1920	0.4462	2.2413
Niere	0.0136	0.0205	0.6609	1.5132
Pankreas	0.0198	0.0221	0.8974	1.1143
Penis	0.0629	0.0800	0.7862	1.2719
Prostata	0.0087	0.0106	0.8189	1.2211
Uterus_Endometrium	0.0676	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0686	0.1630	0.4208	2.3761
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0735			
Prostata-Hyperplasie	0.0416			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0426			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.1113
Gastrointenstinal	0.0056
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0356
Lunge	0.0289
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0062
Placenta	0.1333
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0204
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0111
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0065
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0068
Sinnesorgane	0.0077
Uterus_n	0.0125

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0858	0.1048	0.8185	1.2217
Brust	0.1036	0.1729	0.5992	1.6690
Duenndarm	0.1226	0.1158	1.0593	0.9441
Eierstock	0.0958	0.1197	0.8009	1.2486
Endokrines_Gewebe	0.0954	0.1128	0.8453	1.1830
Gastrointestinal	0.0900	0.1573	0.5725	1.7466
Gehirn	0.0658	0.0924	0.7120	1.4046
Haematopoetisch	0.1109	0.0758	1.4645	0.6828
Haut	0.0918	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0333	0.0906	0.3676	2.7200
Herz	0.2120	0.0412	5.1398	0.1946
Hoden	0.0690	0.3625	0.1904	5.2509
Lunge	0.0696	0.1186	0.5869	1.7040
Magen-Speiseroehre	0.0483	0.0460	1.0504	0.9520
Muskel-Skelett	0.0702	0.2820	0.2491	4.0145
Niere	0.0652	0.1027	0.6344	1.5762
Pankreas	0.1140	0.1270	0.8974	1.1143
Penis	0.1018	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.1090	0.1277	0.8530	1.1723
Uterus_Endometrium	0.1149	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0686	0.2106	0.3258	3.0692
Uterus_allgemein	0.0458	0.1908	0.2402	4.1635
Brust-Hyperplasie	0.1279			
Prostata-Hyperplasie	0.1159			
Samenblase	0.1157			
Sinnesorgane	0.1059			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0832			
Zervix	0.1278			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0557
Gastrointenstinal	0.2471
Gehirn	0.2189
Haematopoetisch	0.1612
Haut	0.0000
Hepatisch	0.1560
Herz-Blutgefaesse	0.2633
Lunge	0.1012
Nebenniere	0.1014
Niere	0.1112
Placenta	0.0848
Prostata	0.3740
Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0136
Eierstock_n	0.1595
Eierstock_t	0.0658
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0216
Gastrointestinal	0.0732
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0259
Hoden	0.0000
Lunge	0.1638
Nerven	0.0211
Prostata	0.0205
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0333

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0273	0.0102	2.6695	0.3746
Brust	0.0051	0.0019	2.7221	0.3674
Duenndarm	0.0276	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0180	0.0000	undef	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0134	0.0046	2.8992	0.3449
Gehirn	0.0015	0.0164	0.0900	11.1117
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0106	0.0412	0.2570	3.8912
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
Lunge	0.0052	0.0102	0.5080	1.9684
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0223	0.0060	3.7122	0.2694
Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
Pankreas	0.0033	0.0276	0.1197	8.3571
Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0381	0.1019	0.3741	2.6732
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
Zervix	0.0106			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0111
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0157
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0107
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0247
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0204
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0101
Endokrines_Gewebe	0.0490
Foetal	0.0093
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0057
Haut-Muskel	0.0421
Hoden	0.0154
Lunge	0.0000
Nerven	0.0010
Prostata	0.0274
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
Brust	0.0064	0.0207	0.3093	3.2328
Duenndarm	0.0153	0.0662	0.2317	4.3157
Eierstock	0.0180	0.0156	1.1513	0.8686
Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0351	0.5822	1.7176
Gastrointestinal	0.0153	0.0231	0.6627	1.5090
Gehirn	0.0510	0.0257	1.9871	0.5032
Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0466	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
Lunge	0.0249	0.0348	0.7172	1.3943
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
Muskel-Skelett	0.0377	0.0300	1.2564	0.7959
Niere	0.0244	0.0274	0.8922	1.1209
Pankreas	0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
Penis	0.0329	0.0267	1.2355	0.8094
Prostata	0.0131	0.0149	0.8774	1.1397
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0256			
Prostata-Hyperplasie	0.0238			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
Zervix	0.0213			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0139
Gastrointenstinal	0.0194
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0320
Lunge	0.0434
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0124
Placenta	0.0061
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.3190
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0373
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0680
Hoden	0.0231
Lunge	0.0000
Nerven	0.0211
Prostata	0.0205
Sinnesorgane	0.0077
Uterus_n	0.0458

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0741	0.0639	1.1593	0.8626
Brust	0.0691	0.0827	0.8352	1.1973
Duenndarm	0.0245	0.0496	0.4943	2.0230
Eierstock	0.0689	0.0494	1.3936	0.7176
Endokrines_Gewebe	0.2487	0.5191	0.4791	2.0873
Gastrointestinal	0.0421	0.0879	0.4796	2.0852
Gehirn	0.1700	0.1037	1.6395	0.6099
Haematopoetisch	0.0695	0.0758	0.9175	1.0899
Haut	0.0367	0.4237	0.0866	11.5419
Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
Herz	0.0668	0.1375	0.4857	2.0588
Hoden	0.0460	0.0468	0.9839	1.0163
Lunge	0.0592	0.0470	1.2590	0.7943
Magen-Speiseroehre	0.1160	0.0690	1.6807	0.5950
Muskel-Skelett	0.0754	0.0960	0.7853	1.2735
Niere	0.0706	0.0479	1.4728	0.6790
Pankreas	0.0677	0.0552	1.2265	0.8153
Penis	0.0988	0.0267	3.7064	0.2698
Prostata	0.0697	0.0660	1.0566	0.9464
Uterus_Endometrium	0.0608	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0611	0.2494	4.0097
Uterus_allgemein	0.1120	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0480			
Prostata-Hyperplasie	0.0565			
Samenblase	0.0445			
Sinnesorgane	0.0823			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0824			
Zervix	0.0852			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.1113
Gastrointenstinal	0.0805
Gehirn	0.1376
Haematopoetisch	0.1140
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0520
Herz-Blutgefaesse	0.0996
Lunge	0.1951
Nebenniere	0.1268
Niere	0.1359
Placenta	0.1030
Prostata	0.0748
Sinnesorgane	0.0879

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0544
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0203
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0309
Gastrointestinal	0.0610
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0356
Hoden	0.0077
Lunge	0.0655
Nerven	0.0783
Prostata	0.0547
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0546	0.0332	1.6428	0.6087
Brust	0.0269	0.0320	0.8407	1.1896
Duenndarm	0.0276	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0479	0.0546	0.8771	1.1401
Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0176	1.8437	0.5424
Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
Gehirn	0.0229	0.0277	0.8266	1.2097
Haematopoetisch	0.0348	0.0379	0.9175	1.0899
Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0190	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0477	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0230	0.1169	0.1968	5.0816
Lunge	0.0156	0.0307	0.5080	1.9684
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0460	0.0000	undef
Muskel-Skelett	0.0120	0.0480	0.2499	4.0023
Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
Pankreas	0.0182	0.0331	0.5484	1.8234
Penis	0.0180	0.0800	0.2246	4.4517
Prostata	0.0174	0.0170	1.0236	0.9769
Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0679	0.3367	2.9702
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0576			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0277			
Zervix	0.0213			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0278
Gastrointenstinal	0.0639
Gehirn	0.0438
Haematopoetisch	0.0275
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0925
Lunge	0.0831
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0803
Placenta	0.0667
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0006
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0077
Lunge	0.0000
Nerven	0.0040
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
Blase	0.0429	0.0486	0.8832	1.1323
Brust	0.0435	0.0771	0.5643	1.7720
Duenndarm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0389	0.0833	0.4677	2.1381
Endokrines_Gewebe	0.0460	0.0301	1.5283	0.6543
Gastrointestinal	0.0287	0.0971	0.2958	3.3803
Gehirn	0.0347	0.0534	0.6507	1.5367
Haematopoetisch	0.0869	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0551	0.0847	0.6498	1.5389
Hepatisch	0.0143	0.0194	0.7353	1.3600
Herz	0.0466	0.0137	3.3923	0.2948
Hoden	0.0173	0.0935	0.1845	5.4203
Lunge	0.0457	0.0613	0.7451	1.3421
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
Muskel-Skelett	0.0223	0.1140	0.1954	5.1183
Niere	0.0407	0.0137	2.9739	0.3363
Pankreas	0.0314	0.0442	0.7105	1.4075
Penis	0.0779	0.0533	1.4601	0.6849
Prostata	0.0458	0.0617	0.7412	1.3491
Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0305	0.1087	0.2806	3.5642
Uterus_allgemein	0.0357	0.0954	0.3736	2.6765
Brust-Hyperplasie	0.0256			
Prostata-Hyperplasie	0.0803			
Samenblase	0.0801			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0494			
Zervix	0.0426			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0417
Gastrointenstinal	0.0611
Gehirn	0.0626
Haematopoetisch	0.0708
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0260
Herz-Blutgefaesse	0.0534
Lunge	0.0542
Nebenniere	0.0761
Niere	0.0988
Placenta	0.0303
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
Brust	0.0204
Eierstock_n	0.1595
Eierstock_t	0.0101
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0332
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0194
Hoden	0.0077
Lunge	0.0328
Nerven	0.0161
Prostata	0.0068
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0291

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	3.0675	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0028
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0061
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0070
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0155
Uterus_n	0.0250

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0039	0.0230	0.1695	5.8999
Brust	0.0179	0.0395	0.4537	2.2042
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0300	0.0130	2.3025	0.4343
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0251	0.2717	3.6805
Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
Gehirn	0.0015	0.0092	0.1600	6.2504
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0083	0.0368	0.2258	4.4288
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
Niere	0.0136	0.0068	1.9826	0.5044
Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0213			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0139
Gastrointenstinal	0.0278
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0079
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0320
Lunge	0.0289
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0185
Placenta	0.0000
Prostata	0.0997
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0304
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0029
Gastrointestinal	0.0122
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0097
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0020
Prostata	0.0068
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0195	0.0383	0.5085	1.9666
Brust	0.0256	0.0714	0.3582	2.7919
Duenndarm	0.0552	0.0331	1.6683	0.5994
Eierstock	0.0270	0.0468	0.5756	1.7372
Endokrines_Gewebe	0.0477	0.0451	1.0566	0.9464
Gastrointestinal	0.0326	0.0324	1.0058	0.9942
Gehirn	0.0503	0.0277	1.8132	0.5515
Haematopoetisch	0.0201	0.1894	0.1059	9.4460
Haut	0.0367	0.2542	0.1444	6.9252
Hepatisch	0.0476	0.0388	1.2255	0.8160
Herz	0.0699	0.0550	1.2721	0.7861
Hoden	0.0173	0.1403	0.1230	8.1305
Lunge	0.0395	0.0818	0.4826	2.0720
Magen-Speiseroehre	0.0676	0.0613	1.1030	0.9066
Muskel-Skelett	0.0394	0.0300	1.3135	0.7613
Niere	0.0462	0.0616	0.7490	1.3351
Pankreas	0.0347	0.0607	0.5711	1.7510
Penis	0.0509	0.1600	0.3182	3.1424
Prostata	0.0327	0.0149	2.1935	0.4559
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0543	0.1403	7.1284
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0192			
Prostata-Hyperplasie	0.0565			
Samenblase	0.0445			
Sinnesorgane	0.0941			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0390			
Zervix	0.0319			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0557
Gastrointenstinal	0.0194
Gehirn	0.0188
Haematopoetisch	0.0197
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0320
Lunge	0.0325
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0371
Placenta	0.0242
Prostata	0.0997
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0340
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0101
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0396
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0778
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0231
Prostata	0.0479
Sinnesorgane	0.0697
Uterus_n	0.0291

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0663	0.0358	1.8523	0.5399
Brust	0.0512	0.0489	1.0470	0.9551
Duenndarm	0.0368	0.0496	0.7415	1.3487
Eierstock	0.0779	0.0728	1.0690	0.9354
Endokrines_Gewebe	0.0562	0.0326	1.7242	0.5800
Gastrointestinal	0.0345	0.0370	0.9319	1.0731
Gehirn	0.0392	0.0524	0.7482	1.3366
Haematopoetisch	0.0602	0.0379	1.5880	0.6297
Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
Hepatisch	0.0095	0.0647	0.1471	6.7999
Herz	0.0583	0.0550	1.0601	0.9433
Hoden	0.0173	0.1520	0.1135	8.8080
Lunge	0.0208	0.0491	0.4234	2.3620
Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
Muskel-Skelett	0.0360	0.0420	0.8567	1.1673
Niere	0.0380	0.0616	0.6168	1.6213
Pankreas	0.0314	0.0884	0.3552	2.8150
Penis	0.0689	0.0267	2.5833	0.3871
Prostata	0.0436	0.0490	0.8901	1.1235
Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0381	0.1155	0.3301	3.0296
Uterus_allgemein	0.0815	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0831			
Prostata-Hyperplasie	0.0446			
Samenblase	0.0801			
Sinnesorgane	0.0353			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0520			
Zervix	0.0532			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0389
Gehirn	0.0188
Haematopoetisch	0.0472
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0260
Herz-Blutgefaesse	0.0498
Lunge	0.0614
Nebenniere	0.0254
Niere	0.0741
Placenta	0.0364
Prostata	0.0499
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.1595
Eierstock_t	0.0203
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0093
Gastrointestinal	0.0366
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0130
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0120
Prostata	0.0205
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0208

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
Prostata	0.0109	0.0021	5.1181	0.1954
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0000
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0068
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
Lunge	0.0042	0.0102	0.4064	2.4605
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0340	0.0000	undef
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
Brust-Hyperplasie	0.0224			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
Zervix	0.0213			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointenstinal	0.0028
Gehirn	0.0125
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefaesse	0.0036
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0254
Niere	0.0062
Placenta	0.0303
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0082
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
B_Lymphom	0.0599	0.0543	1.1037	0.9060
Blase	0.0507	0.0282	1.7979	0.5562
Brust	0.0326	0.0450	0.7240	1.3811
Dickdarm	0.0268	0.0313	0.8563	1.1679
Duenndarm	0.0439	0.0426	1.0306	0.9703
Eierstock	0.0564	0.0453	1.2443	0.8037
Endokrines_Gewebe	0.0642	0.0530	1.2113	0.8255
Gehirn	0.0380	0.0379	1.0022	0.9978
Haut	0.0330	0.0789	0.4190	2.3868
Hepatisch	0.0093	0.0508	0.1831	5.4614
Herz	0.0589	0.0000	undef	0.0000
Hoden	0.0482	0.0533	0.9047	1.1054
Lunge	0.0389	0.0499	0.7796	1.2828
Magen-Speiseroehre	0.0072	0.0256	0.2833	3.5296
Muskel-Skelett	0.0240	0.0702	0.3418	2.9256
Niere	0.0694	0.0289	2.3984	0.4169
Pankreas	0.0297	0.0331	0.8974	1.1143
Prostata	0.0443	0.0287	1.5457	0.6470
T_Lymphom	0.0505	0.1643	0.3074	3.2533
Uterus	0.0325	0.0690	0.4715	2.1210
Weisse_Blutkoerperchen	0.0363	0.0304	1.1948	0.8370
Haematopoetisch	0.0495			
Penis	0.0322			
Samenblase	0.0493			
Sinnesorgane	0.0470			

	FOETUS %Haeufigkeit
Entwicklung	0.0696
Gastrointenstinal	0.0750
Gehirn	0.0876
Haematopoetisch	0.0904
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0260
Herz-Blutgefaesse	0.0854
Lunge	0.0867
Nebenniere	0.0761
Niere	0.0556
Placenta	0.0606
Prostata	0.0499
Sinnesorgane	0.0628

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
Brust	0.0068
Brust_t	0.0000
Dickdarm_t	0.0000
Eierstock_n	0.1595
Eierstock_t	0.0101
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0284
Gastrointestinal	0.0732
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0616
Hoden_n	0.0293
Hoden_t	0.0000
Lunge_n	0.0195
Lunge_t	0.0000
Nerven	0.0261
Niere_t	0.0000
Ovar_Uterus	0.0293
Prostata_n	0.0121
Sinnesorgane	0.0310
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

2.2 Fisher-T st

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz *S* eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu *S* homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu *S* gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz *S* vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu *S* homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST

2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research **23** 4992-4999) (Contig-Bildung).

3. Berechnung einer Konsens-Sequenz *C* aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz *C* wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz *S*. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für *S* abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, *C* in gleicher Weise wie *S* zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (*i*: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusmyomgewebe gefunden w rden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzellinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzellinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" -Programms der Genome Database (GDB), (http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de) bestimmt.
Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Cromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sonder ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl).

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Expression im Uterus-Myomgewebe:	Funktion	Module	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Cytogenetische Lokalisation	nächster Marker
1	erhöht	Human mRNA for ornithine decarboxylase antizyme		779		
2	erhöht	Human MEST mRNA	"abhydro-lase"	2310		
3	erhöht	Human cocaine and amphetamine regulated transcript CART (hCART)		854	5q11.2-q13.1	D5S1730
4	erhöht	Human microfibril-associated glycoprotein (MFAP2)		1112	1p36.11-p36.13	
5	erhöht	Human mRNA for KIAA0108 gene		1051	2p23.3	D2S387
6	erhöht	Human SPARC/osteonectin	"kazal"	1516	5q32-q33.1	
7	erhöht	Homo sapiens splicing factor, arginine/serine-rich 7 (SFRS7)	"rrm"	2367	2p22.3-p22.1	WI-9798
8	erhöht	Human triosephosphate isomerase	3x "TIM"	568		
9	erhöht	Human nuclear ribonucleoprotein particle (hnRNP) C		1775		
10	erhöht	Human thymosin beta-4	"Thymosin"	509		
11	erhöht	Human growth hormone-dependent insulin-like growth factor-binding protein mRNA	"IGFBP", "thyro-globulin_1"	2191	7p12.2-p13	
12	erhöht	Human H19		1769		
13	erhöht	Human cellular retinoic acid-binding protein II (CRABP)	"lipocalin"	1026		
14	erhöht	unbekannt	"rrm"	676	14p11.2-14p11.1	WI-4204
15	erhöht	unbekannt		1254		
16	erhöht	Homolog zu Homo sapiens mRNA for putatively prenylated protein		537		
17	erhöht	unbekannt		823		
18	erhöht	Humanes Homolog zu P. vivax pva1 gene		1082		
19	erhöht	Human lumican mRNA	5x "LRR"	1548	12q21.31-12q21.33	D12S351
20	erhöht	Human 37 kD laminin receptor precursor/p40 ribosome associated protein	"S2"	844		
21	erhöht	Human YMP	"PMP22"	862		
22	erhöht	Human NADH:ubiquinone oxidoreductase MLRQ subunit		546		
23	erhöht	Human mRNA for coupling protein G(s) alpha-subunit	"G-alpha", "arf"	1591	20q13.32-q13.33	
24	erhöht	Human hnRNP core protein A1	"rrm"	441		
25	erhöht	Human HMG-17 gene for non-histone chromosomal protein	"HMG14_17"	1131		
26	erhöht	H.sapiens mRNA for prolactin (clone PRL205)	"hormone"	1071		

27	erhöht	Human mRNA for neurite outgrowth-promoting protein.	3x "PTN_MK"	896		
28	erhöht	H.sapiens mRNA for proliferation-associated gene (pag)	"AhpC-TSA"	1050	1p32.3-p34.3	
29	erhöht	H.sapiens alpha NAC		581		
30	erhöht	unbekannt		264		
31	erhöht	unbekannt		111		
52	erhöht	Verlängerung von Seq. ID. 14	"rrm"	3665	14p11.2-14p11.1	WI-4204

Legende zu den Modulen:

Pfam: Protein families database of alignments and HMMs (pfam@sanger.ac.uk)

PROSITE: The PROSITE database, its status in 1999. Nucleic Acids Res. 27: 215-219 (http://www.expasy.ch/sprot/prosite.html)

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
14	32
	33
	34
15	35
	36
	37
16	38
	39
17	40
	41
	42
18	43
	44
	45
30	46
	47
31	48
	49
	50
	51
52	53
	54
	55

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:
(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
(B) STRASSE: Ihnestrasse 63
(C) STADT: Berlin
(E) LAND: Deutschland
(F) POST CODE (ZIP): D-14195
(G) TELEFON: (030)-8413 1673
(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Uterusmyomgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 55

(iv) COMPUTER READABLE FORM:
(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
(B) COMPUTER: IBM PC compatible
(C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 779 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```
agcgagcagc ggcggcggcg cggagagacg cagcggaggt tttcctggtt tcggacccca 60
gcggccggat ggtgaaatcc tccctgcagc ggatcctcaa tagccactgc ttcgccagag120
agaaggaagg ggataaaccc agcgccacca tccacgccag ccgcaccatg ccgctcctaa180
gcctgcacag ccgcggcggc agcagcagtg agagttccag ggtctccctc cactgctgta240
gtaacccggg tccggggcct cggtggtgct cctgatgccc ctcacccacc cctgaagatc300
ccaggtgggc gagggaatag tcaaagggac cacaatcttt cagctaactt attctactcc360
gatgatcggc tgaatgtaac agaggaacta acgtccaacg acaagacgag gattctcaac420
gtccagtcca ggctcacaga cgccaaacgc attaactggc gaacagtgct gagtggcggc480
actgctctac atcgagatcc cgggcggcgc gctgcccgag gggagcaagg acagctttgc540
agttctcctg ggagttcgct gaggagcagc tgcgaggccg accatgtctt aatttgcttc600
cacaagaacc ccgaggacag agccgccttg ctccgaacct tcagcttttt cgggcttgag660
attttgagac cggggcatcc cctttgttcc ccaagagacc cgacgcttgc ttcatgggcc720
tacaagtttc gagagagagt ctttggggag aggaagaagg attaggggcc gcgtcgggt 779
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2310 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

```
gttctccgaa acatggagtc ctgtaggcaa ggtcttacct gaatcaggat gagggagtgg  60
tgggtccagg tggggctgct ggccgtgccc ctgcttgctg cgtacctgca catcccaccc 120
cctcagcgct cccctgccct tcactcatgg aagtcttcag gcaagttttt cacttacaag 180
ggactgcgta tcttctacca agactctgtg ggtgtggttg gaagtccaga gatagttgtg 240
cttttacacg gttttccaac atccagctac gactggtaca agatttggga aggtctgacc 300
ttgaggtttc atcgggtgat tgcccttgat ttcttaggct ttggcttcag tgacaaaccg 360
agaccacatc actattccat atttgagcag gccagcatcg tggaagcgct tttgcggcat 420
ctggggctcc agaaccgcag gatcaacctt ctttctcatg actatggaga tattgttgct 480
caggagcttc tctacaggta caagcagaat cgatctggtc ggcttaccat aaagagtctc 540
tgtctgtcaa atggaggtat ctttcctgag actcaccgtc cactccttct ccaaaagcta 600
ctcaaagatg gaggtgtgct gtcacccatc ctcacacgac tgatgaactt ctttgtattc 660
tctcgaggtc tcaccccagt ctttgggccg tatactcggc cctctgagag tgagctgtgg 720
gacatgtggg cagggatccg caacaatgac gggaacttag tcattgacag tctcttacag 780
```

tacatcaatc agaggaagaa gttcagaagg cgctgggtgg gagctcttgc ctctgtaact 840
atccccattc attttatcta tgggccattg gatcctgtaa atccctatcc agagtttttg 900
gagctgtaca ggaaaacgct gccgcggtcc acagtgtcga ttctggatga ccacattagc 960
cactatccac agctagagga tcccatgggc ttcttgaatg catatatggg cttcatcaac1020
tccttctgag ctggaaagag tagcttccct gtattacctc ccctactccc ttatgtgttg1080
tgtattccac ttaggaagaa atgcccaaaa gaggtcctgg ccatcaaaca taattctctc1140
acaaagtcca ctttactcaa attggtgaac agtgtatagg aagaagccag caggagctct1200
gactaaggtt gacataatag tccacctccc attactttga tatctgatca aatgtataga1260
cttggctttg ttttttgtgc tattaggaaa ttctgatgag cattactatt cactgatgca1320
gaaagacgtt cttttgcata aaagactttt tttaacactt tggacttctc tgaaatattt1380
agaagtgcta atttctggcc caccccccaac aggaattcta tagtaagggg gaggagaagg1440
ggggctcctt ccctctcctc gaatgacgtt atgggcacat gccttttaaa agttctttaa1500
gcaacacaga gctgagtcct ctttgtcata cctttggatt tagtgtttca tcagctgttt1560
ttagttataa acattttgtt aaaatagata ttggtttaaa tgatacagta ttttaggtat1620
gatttaagac tatgatttac ctatacatta tatatatttt ataaagatac taaaccagca1680
tacccttact ctgccagagt agtgaagcta attaaacacg tttggtttct gaataaattg1740
aactaaatcc aaactatttc ctaaaatcac aggacattaa ggaccaatag catctgtgcc1800
agagatgtac tgttattagc tgggaagacc aattctaaca gcaaataaca gtctgagact1860
cctcatacct cagtggttag aagcatgtct ctcttgagct acagtagagg ggaagggatt1920
gttgtgtagt caagtcacca tgctgaatgt acactgattc ctttatgatg actgcttaac1980
tccccactgc ctgtcccaga gaggctttcc aatgtagctc agtaattcct gttactttac2040
agacaggaaa gttccagaaa ctttaagaac aaactctgaa agacctatga gcaaatggtg2100
ctgaatactt ttttttaaa gccacatttc attgtcttag tcaaagcagg attattaagt2160
gattatttaa aattcgtttt tttaaattag caacttcaag tataacaact ttgaaactgg2220
aataagtgtt tattttctat taataaaaat gaattgtgac aaaaaaaaaa aaaggcttcg2280
gcttttgaag tctatgtgtg gggggggggt 2310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 854 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

ctgcacgggg gctcgggctc actataaaag gtgggagcgc gtggtgcccc agcaacgacg 60
agtttcagaa cgatggagag ctcccgcgtg aggctgctgc ccctcctggg cgccgccctg120
ctgctgatgc tacctctgtt gggtacccgt gcccaggagg acgccgagct ccagccccga180
gccctggaca tctactctgc cgtggatgat gcctcccacg agaaggagct gatcgaagcg240
ctgcaagaag tcttgaagaa gctcaagagt aaacgtgttc ccatctatga gaagaagtat300

ggccaagtcc ccatgtgtga cgccggtgag cagtgtgcag tgaggaaagg ggcaaggatc360
gggaagctgt gtgactgtcc ccgaggaacc tcctgcaatt ccttcctcct gaagtgctta420
tgaaggggcg tccattctcc tccatacatc cccatccctc tactttcccc agaggaccac480
accttcctcc ctggagtttg gcttaagcaa cagataaagt ttttattttc ctctgaaggg540
aaagggctct tttcctgctg tttcaaaaat aaaagaacac attagatgtt actgtgtgaa600
gaataatgcc ttgtatggtg ttgatacgtg tgtgaagtat tcttatttta tttgtctgac660
aaactcttgt gtacctttgt gtaaagaagg gaagctttgt ttgaaaattg tatttttgta720
tgtggcatgg cagaatgaaa attagatcta gctaatctcg gtagatgtca ttacaacctg780
gaaaataaat caccctaagt gacacaaatt gaagcatgta caaattatac ataataaagt840
gtttttaata attg 854

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1112 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

cgccagcccc gtcgggggcc cggaggggac tcggagcggg ccaaggggcg gctccggcgg 60
gcggactcgg agcgggcggc ggagtgaccc ggacagctgt cctctctgac accaccccgg 120
cctgcctctt tgttgccatg agagctgcct acctcttcct gctattcctg cctgcaggct 180
tgctggctca gggccagtat gacctggacc cgctgccgcc gttccctgac cacgtccagt 240
acacccacta tagcgaccag atcgacaacc cagactacta tgattatcaa gaggtgactc 300
ctcggccctc cgaggaacag ttccagttcc agtcccagca gcaagtccaa caggaagtca 360
tcccagcccc aaccccagaa ccaggaaatg cagagctgga gcccacagag cctgggcctc 420
ttgactgccg tgaggaacag tacccgtgca cccgcctcta ctccatacac aggccttgca 480
aacagtgtct caacgaggtc tgcttctaca gcctccgccg tgtgtacgtc attaacaagg 540
agatctgtgt tcgtacagtg tgtgcccatg aggagctcct ccgagctgac ctctgtcggg 600
acaagttctc caaatgtggc gtgatggcca gcagcggcct gtgccaatcc gtggcggcct 660
cctgtgccag gagctgtggg agctgctagg gtggtgctgg catcctgagt cctggccctc 720
ctgggatctg gggccctcgg gccctgcctg acctggtgct tttttcccca tccccatgtt 780
ccttttattc tgtaaaaagt tagtggactg cagccctggg ggttgcaggc tgcggtgcct 840
caggcccctc cttcagcctg tggccacctc tggggcacga tgggggctcc ccactgccca 900
gtctgccccc cgggttgggg gagtatccca ggcctctctg tgggaccctg ggccctgacg 960
ggccttctca gcccgttttg aggacagaca gtcccccgag gtaggctaca tccccccacc1020
ccagctggtc tgcttggatt tcctacagcc cccgtgggca tggaccacct ttatttttata1080
caaaattaaa aacaagtttt tacaaaaaaa aa 1112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1051 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

```
gcgcaggcgc gaagaagctg gcaggggcac gagccggggg cgggtttgaa gacgcgtcgt  60
tgggttttgg aggccgtgaa acagccgttt gagtttggct gcgggtggag aacgtttgtc 120
aggggcccgg ccaagaagga ggcccgcctg ttacgatggt gtccatgagt ttcaagcgga 180
accgcagtga ccggttctac agcacccggt gctgcggctg ttgccatgtc cgcaccggga 240
cgatcatcct ggggacctgg tacatggtag taaacctatt gatggcaatt ttgctgactg 300
tggaagtgac tcatccaaac tccatgccag ctgtcaacat tcagtatgaa gtcatcggta 360
attactattc gtctgagaga atggctgata atgcctgtgt tctttttgcc gtctctgttc 420
ttatgtttat aatcagttca atgctggttt atggagcaat ttcttatcaa gtgggttggc 480
tgattccatt cttctgttac cgacttttg acttcgtcct cagttgcctg gttgctatta 540
gttctctcac ctatttgcca agaatcaaag aatatctgga tcaactacct gattttccct 600
acaaagatga cctcctggcc ttggactcca gctgcctcct gttcattgtt cttgtgttct 660
ttgccttatt catcattttt aaggcttatc taattaactg tgtttggaac tgctataaat 720
acatcaacaa ccgaaacgtg ccggagattg ctgtgtaccc tgcctttgaa gcacctcctc 780
agtacgtttt gccaacctat gaaatggccg tgaaaatgcc tgaaaaagaa ccaccacctc 840
cttacttacc tgcctgaaga aattctgcct ttgacaataa atcctatacc agcttttgt 900
ttgtttatgt tacagaatgc tgcaattcag ggctcttcaa acttgtttag atataaaata 960
tggtggccct ttggttttaa agcaatttat tttccaaaac actaagggag ccttttgga1020
catctggtta aacggccttt ttgggttttt t                              1051
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1516 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung herg stellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

gttgtcctca tccctctcat acagggtgac caggacgttc ttgagccagt cccgcatgcg 60
caggggaag aagatccatg agaaggagaa gcgcctggag gcaggagacc accccgtgga 120
gctgctggcc cgggacttcg agaagaacta taacatgtac atcttccctg tacactggca 180
gttcggccag ctggaccagc accccattga cgggtacctc tcccacaccg agctggctcc 240
actgcgtgct cccctcatcc ccatggagca ttgcaccacc cgcttttttcg agacctgtga 300
cctggacaat gacaagtaca tcgccctgga tgagtgggcc ggctgcttcg gcatcaagca 360
gaaggatatc gacaaggatc ttgtgatcta aatccactcc ttccacagta ccggattctc 420
tctttaaccc tccccttcgt gtttccccca atgtttaaaa tgtttggatg gtttgttgtt 480
ctgcctggag acaaggtgct aacatagatt taagtgaata cattaacggt gctaaaaatg 540
aaaattctaa cccaagaaca tgacattctt agctgtaact taactattaa ggccttttcc 600
acacgcatta atagtcccat ttttctcttg ccatttgtag ctttgcccat tgtcttattg 660
ggcacatggg gtggacacgg atctgctggg ctctgcctta aacacacatt gcagcttcaa 720
cttttctctt tagtgttctg tttgaaacta atacttaccg agtcagactt tgtgttcatt 780
tcatttcagg gtcttggctg cctgtgggct tccccaggtg gcctggaggt gggcaaaggg 840
aagtaacaga cacacgatgt tgtcaaggat ggttttggga ctagaggctc agtggtggga 900
gagatccctg cagaacccac caaccagaac gtggtttgcc tgaggctgta actgagagaa 960
agattctggg gctgtgttat gaaaatatag acattctcac ataagcccag ttcatcacca1020
tttcctcctt tacctttcag tgcagtttct tttcacatta ggctgttggt tcaaactttt1080
gggagcacgg actgtcagtt ctctgggaag tggtcagcgc atcctgcagg gcttctcctc1140
ctctgtcttt tggagaacca gggctcttct caggggctct agggactgcc aggctgtttc1200
agccaggaag gccaaaatca agagtgagat gtagaaagtt gtaaaataga aaaagtggag1260
ttggtgaatc ggttgttctt tcctcacatt tggatgattg tcataaggtt tttagcatgt1320
tcctcctttt ctccaccctc ccctttttc ccccaagaat acagagaaaa ctcaaagtta1380
atggggaggg tcggatccta caggcctgag aatcggtcaa ctccaagcat ttcatggaaa1440
aggcggcttc ctaattaatc ctacaaaccc ccacccagga tggtgagggg tttcaccaat1500
tcctccaaaa ataaaa 1516

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2367 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

```
cgccgggact cttggcgggt gaaggtgtgt gtcagctttt gcgtcactcg agccctgggc   60
gctgcttgct aaagagccga gcacgcgggt ctgtcatcat gtcgcgttac gggcggtacg  120
gaggagaaac caaggtgtat gttggtaacc tgggaactgg cgctggcaaa ggagagttag  180
aaagggcttt cagttattat ggtcctttaa gaactgtatg gattgcgaga aatcctccag  240
gatttgcctt tgtggaattc gaagatccta gagatgcaga agatgcagta cgaggactgg  300
atggaaaggt gatttgtggc tcccgagtga gggttgaact atcgacaggc atgcctcgga  360
gatcacgttt tgatagacca cctgcccgac gtccctttga tccaaatgat agatgctatg  420
agtgtggcga aaagggacat tatgcttatg attgtcatcg ttacagccgg cgaagaagaa  480
gcaggtcacg gtctagatca cattctcgat ccagaggaag gcgatactct cgctcacgca  540
gcaggagcag gggacgaagg tcaaggtcag catctcctcg acgatcaaga tctatctctc  600
ttcgtagatc aagatcagct tcactcagaa gatctaggtc tggttctata aaaggatcga  660
ggtatttcca atccccgtcg aggtcaagat caagatccag gtctatttca cgaccaagaa  720
gcagccgatc aaagtccaga tctccatctc caaaaagaag tcgttcccca tcaggaagtc  780
ctcgcagaag tgcaagtcct gaaagaatgg actgaagctc tcaagttcac cctttaggga  840
aaagttattt tgtttacatt attataaggg atttgtgatg tctgtaaagt gtaacctagg  900
aaagataatt caaccatcta atcaaaatgg atctggatta ctatgtaaat tcacagcagt  960
aagataatat aaattttgtt gaatgtatta acatcatatg gtctgaaaat gtgggttttt 1020
atttggcaca tttaaataaa atgtttctaa ctagattttt gatttgtgtt caatattaac 1080
acttcttaat ttgatatatt tgagagtcag acattataat tgttaacctt attcatacat 1140
acctacattc agaattgaaa ggtgttggtt aagtcttgaa catcactatt ctatgcataa 1200
aacttggcca ggatcttaag ggactttgaa aattccatct taccttgta gctctgggta 1260
agatgacctg agtcccttat gatacagcct gaatgcatca tgacagatcc ttaagttagc 1320
taatccgttt gaagttggtg ttagtaggta ttgtatgatc agtggtgaag caagtaggac 1380
cactgatgtg tctaaatgag catgacagga actaaacgaa actgattaaa tgtatgagaa 1440
atagaaactg atttctggat gatctttata ctaattgcag ctttcaggct actaggtggc 1500
atagtgttaa ttaggactcc ccaagatatg gggagttcta ctctcaatgg tcttgtttct 1560
ttgctttcta cattagttaa ccagttttat accaaaaaat gcatgtttga ggaattgtct 1620
gaaattggga caaaacacct tcatgtaaac cagctttgca aaattttcca gcccagatac 1680
tcttcatcta ttcaaatgga ttgtcttatt ctgagcaaag acctgttgtt aatcttcaag 1740
ctaggttttg cagttcccaa ccacaacatt cttctatttt gccaggctgg tgcaaagtaa 1800
ttaaagatgt caatcagaaa tgtcaatgag actaaagtgg ttttgtaaat ctcagctata 1860
tttagcaaca ctccatgtag ctaatatttt ttggtagcat ctggtagacc ttagaatgtt 1920
acatagccag taggttcttt attcaaattt taagtatctt aagaatagta gggcagtaac 1980
agttactttt gagagttttc tggtcaagct tttaccaggc attctctagc cttggtacaa 2040
aaaaaaaaaa aacctgctgg ttgcgcagat acctaggctt gtccatttta tgcatttcag 2100
caaagtcatt ggatactatt gcaacttggg aatactggtc tgcatcaagt ttattcggta 2160
gtttgaccgc tagtatgttg gaagttattt ggattgtttt tggaattttg actggctgaa 2220
ttatggttgg tataaagtta tgtgtataac tggcaggctt atttatctgt tgcacttggt 2280
tagctttaat tgttctgtat tatttaaaga taagtttact caacaataaa tctgcagaga 2340
ttgaacaaat aaaaaaaaaa aaaaaaa                                     2367
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 568 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

```
ctcgagccgt gggcagtggc cgcgaatgcg cggagacact gaccttcagc gcctcggctc 60
cagcgccatg gcgccctcca ggaagttctt cgttggggga aactggaaga tgaacgggcg120
gaagcagagt ctgggggagc tcatcggcac tctgaacgcg gccaaggtgc cggccgacac180
cgaggtggtt tgtgctcccc ctactgccta tatcgacttc gcccggcaga agctagatcc240
caagattgct gtggctgcgc agaactgcta caaagtgact aatggggctt ttactgggga300
gatcagccct ggcatgatca aagactgcgg agccacgtgg gtggtcctgg ggcactcaga360
gagaaggcat gtctttgggg agtcagatga gctgattggg cagaaagtgg cccatgctct420
ggcagaggga ctcggagtaa tcgcctgcat tggggagaag ctagatgaaa gggaagctgg480
catcactgag aatgttgttt tcgagcagac aaaggtcatc ggggatgact tgaaggactg540
gatcaagttc gtcctggcct gttggcct                                    568
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1775 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```
ctcgggggcc attttgtgaa gagacgaaga ctgagcggtt gtggccgcgt tgccgacctc  60
```

cagcagcagt cggcttctct acgcagaacc cgggagtagg agactcagaa tcgaatctct 120
tctccctccc cttcttgtga gatttttttg atcttcagct acattttcgg ctttgtgaga 180
aaccttacca tcaaacacga tggccagcaa cgttaccaac aagacagatc ctcgctccat 240
gaactcccgt gtattcattg ggaatctcaa cactcttgtg gtcaagaaat ctgatgtgga 300
ggcaatcttt tcgaagtatg gcaaaattgt gggctgctct gttcataagg gctttgcctt 360
cgttcagtat gttaatgaga gaaatgcccg ggctgctgta gcaggagagg atggcagaat 420
gattgctggc caggttttag atattaacct ggctgcagag ccaaaagtga accgaggaaa 480
agcaggtgtg aaacgatctg cagcggagat gtacggctcc tcttttgact tggactatga 540
ctttcaacgg gactattatg ataggatgta cagttaccca gcacgtgtac ctcctcctcc 600
tcctattgct cgggctgtag tgccctcgaa acgtcagcgt gtatcaggaa acacttcacg 660
aaggggcaaa agtggcttca attctaagag tggacagcgg ggatcttcca agtctggaaa 720
gttgaaagga gatgaccttc aggccattaa gaaggagctg acccagataa aacaaaaagt 780
ggattctctc ctggaaaacc tggaaaaaat tgaaaaggaa cagagcaaac aagcagtaga 840
gatgaagaat gataagtcag aagaggagca gagcagcagc tccgtgaaga aagatgagac 900
taatgtgaag atggagtctg agggggtgc agatgactct gctgaggagg gggacctact 960
ggatgatgat gataatgaag atcgggggga tgaccagctg gagttgatca aggatgatga1020
aaaagaggct gaggaaggag aggatgacag agacagcgcc aatggcgagg atgactctta1080
agcacatagt ggggtttaga aatcttatcc cattatttct ttacctaggc gcttgtctaa1140
gatcaaattt ttcaccagat cctctcccct agtatcttca gcacatgctc actgttctcc1200
ccatccttgt ccttcccatg ttcattaatt catattgccc cgcgcctagt cccattttca1260
cttcctttga cgctcctagt agttttgtta agtcttaccc tgtaattttt gcttttaatt1320
ttgatacctc tttatgactt aacaataaaa aggatgtatg gtttttatca actgtctcca1380
aaataatctc ttgttatgca gggagtacag ttcttttcat tcatacataa gttcagtagt1440
tgcttcccta actgcaaagg caatctcatt tagttgagta gctcttgaaa gcagctttga1500
gttagaagta tgtgtgttac accctcacat tagtgtgctg tgtggggcag ttcaacacaa1560
atgtaacaat gtatttttgt gaatgagagt tggcatgtca aatgcatcct ctagaaaaat1620
aattagtgtt atagtcttaa gatttgtttt ctaaagttga tactgtgggt tatttttgtg1680
aacagcctga tgtttgggac ctttttttcct caaaataaac aagtccttat taaaccagga1740
atttggagaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 1775

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 509 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:10

caggtcgagt ggccactgcg cagaccagac ttcgctcgta ctcgtgcgcc tcgcttcgct 60
tttcctccgc aaccatgtct gacaaacccg atatggctga gatcgagaaa ttcgataagt120
cgaaactgaa gaagacagag acgcaagaga aaaatccact gccttccaaa gaaacgattg180

```
aacaggagaa gcaagcaggc gaatcgtaat gaggcgtgcg ccgccaatat gcactgtaca240
ttccacaagc attgccttct tattttactt cttttagctg tttaactttg taagatgcaa300
agaggttgga tcaagtttaa atgactgtgc tgccccttc acatcaaagg gactacttga360
acaacggaag ggccgcggcc tacctttccc atctgtctat ctatctggct ggcagggaag420
ggaagagttg caggttggtg aggaagaagt ggggtggaag aagttggatg ggccgccagt480
aaaacttggg taaaccgaac ttggccaag                                  509
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 2191Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

```
actgagcgag ggccagccgt gcggcatcta caccgagcgc tgtggctccg gccttcgctg  60
ccagccgtcg cccgacgagg cgcgaccgct gcaggcgctg ctggacggcc gcgggctctg 120
cgtcaacgct agtgccgtca gccgcctgcg cgcctacctg ctgccagcgc cgccagctcc 180
aggaaatgct agtgagtcgg aggaagaccg cagcgccggc agtgtggaga gcccgtccgt 240
ctccagcacg caccgggtgt ctgatcccaa gttccacccc ctccattcaa agataatcat 300
catcaagaaa gggcatgcta aagacagcca gcgctacaaa gttgactacg agtctcagag 360
cacagatacc cagaacttct cctccgagtc caagcgggag acagaatatg gtccctgccg 420
tagagaaatg gaagacacac tgaatcacct gaagttcctc aatgtgctga gtcccagggg 480
tgtacacatt cccaactgtg acaagaaggg attttataag aaaaagcagt gtcgcccttc 540
caaaggcagg aagcggggct tctgctggtg tgtggataag tatgggcagc ctctcccagg 600
ctacaccacc aaggggaagg aggacgtgca ctgctacagc atgcagagca agtagacgcc 660
tgccgcaagg ttaatgtgga gctcaaatat gccttatttt gcacaaaaga ctgccaagga 720
catgaccagc agctggctac agcctcgatt tatatttctg tttgtggtga actgattttt 780
tttaaaccaa agtttagaaa gaggtttttg aaatgcctat ggtttctttg aatggtaaac 840
ttgagcatct tttcactttc cagtagtcag caaagagcag tttgaatttt cttgtcgctt 900
cctatcaaaa tattcagaga ctcgagcaca gcacccagac ttcatgcgcc cgtggaatgc 960
tcaccacatg ttggtcgaag cggccgacca ctgactttgt gacttaggcg gctgtgttgc1020
ctatgtagag aacacgcttc acccccactc cccgtacagt gcgcacaggc tttatcgaga1080
ataggaaaac ctttaaaccc cggtcatccg gacatcccaa cgcatgctcc tggagctcac1140
agccttctgt ggtgtcattt ctgaaacaag ggcgtggatc cctcaaccaa gaagaatgtt1200
tatgtcttca agtgacctgt actgcttggg gactattgga gaaaataagg tggagtccta1260
cttgtttaaa aaatatgtat ctaagaatgt tctagggcac tctgggaacc tataaaggca1320
ggtatttcgg gccctcctct tcaggaatct tcctgaagac atggcccagt cgaaggccca1380
ggatggcttt tgctgcggcc ccgtggggta ggagggacag agagacaggg agagtcagcc1440
tccacattca gaggcatcac aagtaatggc acaattcttc ggatgactgc agaaaatagt1500
gttttgtagt tcaacaactc aagacgaagc ttatttctga ggataagctc tttaaaggca1560
```

aagctttatt ttcatctctc atcttttgtc ctccttagca caatgtaaaa aagaatagta1620
atatcagaac aggaaggagg aatggcttgc tggggagccc atccaggaca ctgggagcac1680
atagagattc acccatgttt gttgaactta gagtcattct catgcttttc tttataattc1740
acacatatat gcagagaaga tatgttcttg ttaacattgt atacaacata gccccaaata1800
tagtaagatc tatactagat aatcctagat gaaatgttag agatgctata tgatacaact1860
gtggccatga ctgaggaaag gagctcacgc ccagagactg ggctgctctc ccggaggcca1920
aacccaagaa ggtctggcaa agtcaggctc agggagactc tgccctgctg cagacctcgg1980
tgtggacaca cgctgcatag agctctcctt gaaaacagag gggtctcaag acattctgcc2040
tacctattag cttttcttta ttttttaac ttttgggggg gaaaagtatt tttgagaagt2100
ttgtcttgca atgtatttat aaatagtaaa taaagttttt accattaaaa aaaaaaggag2160
taaaaagaaa aaaaagggcg gccgccgact a 2191

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1769 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

attatttaca tttcaaaata attcccctta atcgttttac tcctaagttc attaccattg 60
ttggcccacc ttaggttcca ccacttggtt gttaccccag ccctgggttc aaacagggac 120
atggcaaggg gacacaggac agaggggtcc ccagctgcca cctcacccac cgcaattcat 180
ttagtagcag gcacaggggc agctccggca cggctttctc aggcctatgc cggagcctcg 240
agggctggag agcgggaaga caggcagtgc tcggggagtt gcagcaggac gtcaccagga 300
gggcgaacgg ccacgggagg ggggccccgg gacattgcgc agcaaggagg ctgcaggggc 360
tcggcctgcg ggcgccggtc ccacgaggca ctgcggccca gggtctggtg cggagagggc 420
ccacagtgga cttggtgacg ctgtatgccc tcaccgctca gcccctgggg ctggcttggc 480
agacagtaca gcatccaggg gagtcaaggg catggggcga gaccagacta ggcgaggcgg 540
gcggggcgga gtgaatgagc tctcaggagg gaggatggtg caggcagggg tgaggagcgc 600
aggggcggc gagcgggagg cactggcctc cagagcccgt ggccaaggcg ggcctcgcgg 660
gcggcgacgg agccgggatc ggtgcctcag cgttcgggct ggagacgagg ccaggtctcc 720
agctggggtg gacgtgccca ccagctgccg aaggcaagac gccaggtccg gtggacgtga 780
caagcaggac atgacatggt ccggtgtgac ggcgaggaca gaggaggcgc gtccggcctt 840
cctgaacacc ttaggctggt ggggctgcgg caagaagcgg gtctgtttct ttacttcctc 900
cacggagtcg gcacactatg gctgccctct gggctcccag aacccacaac atgaaagaaa 960
tggtgctacc cagctcaagc ctgggccttt gaatccggac acaaaaccct ctagcttgga1020
aatgaatatg ctgcacttta caaccactgc actacctgac tcaggaatcg gctctggaag1080
gtgaagctag aggaaccaga cctcatcagc ccaacatcaa agacaccatc ggaacagcag1140
cgcccgcagc acccaccccg caccggcgac tccatcttca tggccacccc ctgcggcgga1200

cggttgacca ccagccacca catcatccca gagctgagct cctccagcgg gatgacgccg1260
tccccaccac ctccctcttc ttctttttca tccttctgtc tctttgtttc tgagctttcc1320
tgtctttcct tttttctgag agattcaaag cctccacgac tctgtttccc ccgtcccttc1380
tgaatttaat ttgcactaag tcatttgcac tggttggagt tgtggagacg gccttgagtc1440
tcagtacgag tgtgcgtgag tgtgagccac cttggcaagt gcctgtgcag ggcccggccg1500
ccctccatct gggccgggtg actgggcgcc ggctgtgtgc ccgaggcctc accctgccct1560
cgcctagtct ggaagctccg accgacatca cggagcagcc ttcaagcatt ccattacgcc1620
ccatctcgct ctgtgccccc ccccaccagg gcttcagcag gagccctgga ctcatcatca1680
ataaacactg ttacagcaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1740
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaag 1769

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1026 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

aaaagctgtc cgcgcgggga gcccagggcc agctttgggg ttgtccctgg acttgtcttg 60
gttccagaac ctgacgaccc ggcgacggcg acgtctcttt tgactaaaag acagtgtcca 120
gtgctccagc ctaggagtct acggggaccg cctcccgcgc cgccaccatg cccaacttct 180
ctggcaactg gaaaatcatc cgatcggaaa acttcgagga attgctcaaa gtgctggggg 240
tgaatgtgat gctgaggaag attgctgtgg ctgcagcgtc caagccagca gtggagatca 300
aacaggaggg agacactttc tacatcaaaa cctccaccac cgtgcgcacc acagagatta 360
acttcaaggt tggggaggag tttgaggagc agactgtgga tgggaggccc tgtaagagcc 420
tggtgaaatg ggagagtgag aataaaatgg tctgtgagca gaagctcctg aagggagagg 480
gccccaagac ctcgtggacc agagaactga ccaacgatgg ggaactgatc ctgaccatga 540
cggcggatga cgttgtgtgc accagggtct acgtccgaga gtgagtggcc acaggtagaa 600
ccgcggccga agcccaccac tggccatgct caccgccctg cttcactgcc ccctccgtcc 660
caccccctcc ttctaggata gcgctcccct taccccagtc acttctgggg gtcactggga 720
tgcctcttgc agggtcttgc tttctttgac ctcttctctc ctcccctaca ccaacaaaga 780
ggaatggctg caagagccca gatcacccat tccgggttca ctccccgcct ccccaagtca 840
gcagtcctag ccccaaacca gcccagagca gggtctctct aaaggggact tgagggcctg 900
agcaggaaag actggccctc tagcttctac cctttgtccc tgtagcctat acagtttaga 960
atatttattt gttaatttta ttaaaatgct ttaaaaaaat aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1020
aaaaaa 1026

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 676 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

```
ggccattttg tgaagagacg aagactgagc ggttgtggcc gcgttgccga cctccagcag 60
cagtcggctt ctctacgcag aacccgggag taggagactc agaatcgaat ctcttctccc120
tccccttctt gggcagcaag gcgaacccca tccctactca ctggagctca gctttgattt180
ttaacctccc ttccccaccc ttccagaaca cacacattcc attccaaaac tgattttata240
aagacatttt aaacataatg atgcaacttg gtgtgcacta cagcaaatgt acaggtgttt300
tttttttaat tgtttccaaa accgggacct ggatttaaga tgtaattttt aaaatttcta360
tttctatttt ttcggcagca gttgggttag aggaggagga gcctttagc ctcccagaaa420
ctgacctctc tacttcctcg tgtattttta agattgattg atgatgtgga aagggctttg480
cttgtctgct actgaaaact ttatccttgc ggtttttgtg gaactgcgtt tggaaagaga540
aaagaaatga actttactga cttgacattt tgcacctccc ggttttcgaa tctgggcaat600
tttaattttg gttttacagt gagagttttt gatctcagca cagaagtaat ccaatttttt660
ttagcatttt ccgact                                                676
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1254 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

```
cggctcgagc agctcgagcg gctcaaacac ctcatttgac cttgccagct gaccttcaaa   60
ccctgcattt gaaccgacca acattaagtc cagagagtaa acttgaatgg aataacgaca  120
ttccagaagt taatcatttg aattctgaac actggagaaa aaccgaaaaa tggacggggc  180
atgaagagac taatcatctg gaaaccgatt tcagtggcga tggcatgaca gagctagagc  240
tcgggcccag ccccaggctg cagcccattc gcaggcaccc gaaagaactt ccccagtatg  300
gtggtcctgg aaaggacatt tttgaagatc aactatatct tcctgtgcat tccgatggaa  360
tttcagttca tcagatgttc accatggcca ccgcagaaca ccgaagtaat tccagcatag  420
cggggaagat gttgaccaag gtggagaaga atcacgaaaa ggagaagtca cagcacctag  480
aaggcagcgc ctcctcttca ctctcctctg attagatgaa actgttacct taccctaaac  540
acagtatttc tttttaactt ttttatttgt aaactaataa aggtaatcac agccaccaac  600
attccaagct accctgggta cctttgtgca gtagaagcta gtgagcatgt gagcaagcgg  660
tgtgcacacg gagactcatc gttataattt actatctgcc aagagtagaa agaaaggctg  720
gggatatttg ggttggcttg gttttgattt tttgcttgtt tgtttgtttt gtactaaaac  780
agtattatct tttgaatatc gtagggacat aagtatatac atgttatcca atcaagatgg  840
ctagaatggt gcctttctga gtgtctaaaa cttgacaccc ctggtaaatc tttcaacaca  900
cttccactgc ctgcgtaatg aagttttgat tcatttttaa ccactggaat ttttcaatgc  960
cgtcattttc agttagatga ttttgcactt tgagattaaa atgccatgtc tatttgatta1020
gtcttatttt tttatttttа caggcttatc agtctcactg ttggctgtca ttgtgacaaa1080
gtcaaataaa cccccaagga cgacacacag tatggatcac atattgtttg acattaagct1140
tttgccagaa aatgttgcat gtgttttacc tcgacttgct aaaatcgatt agcagaaagg1200
catggctaat aatgttggtg gtgaaaataa ataaataagt aaacaaaaag aaaa      1254
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 537 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

```
ggcccgggcc cccaccctcg acatgcgctt ccggcgacgc cttagcgctg acccccacgc 60
aacccagcga aactccgcgg aggcgcgcgg cacgatggac ggtcgggtgc agctgatgaa120
ggccctcctg gccgggcccc tccggcccgc ggcgcgtcgc tggaggaacc cgattcccct180
tcccgagacg tttgacggag ataccgaccg actcccggag ttcatcgtgc agacgtgctc240
ctacatgttc gtggacgaga acacgttctc caacgacgcc ctgaaggtga cgttcctcat300
cacccgcctc acggggccag ccctgcagtg ggtgatcccc tacatcagga aggagagccc360
cctgctcaat gattaccggg gctttctggc cgagatgaag cgagtctttg gatgggagga420
ggacgaggac ttctaggccg ggagaccctc gggcctgggg gcgggtgctc tgggaagagt480
tcgctgtgcc agtggccacc gctagggtct ccacaggcgc cctccccagg gaatgct   537
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 823 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

```
tagactgaac aggaggggga gtcctgggta gcgcgccggt ctaaatcgtt acttggcgga 60
aagttcccat gagtctttgc cagcgtcccc ctccttttgt gaggattggg atattccgac120
tccttaaggg cctggcgcac ataaggtgtg acctttttcat tcccgttgtt atggagggcc180
acatctgcca gagcctggag tctgcgaagg ccgggacccg gttccccggc ccacagtggg240
ggtgtgcaaa cccgagagaa ctgggttgca aattcgtgaa gaatcagcat catgtttggc300
agctgagtat tggagccagg agcctgccat gaggttttga gaacagagtg ctgttttaga360
gctggcagca gcatctcagc ccaagagaag gttatattcc cagaggatgt cagtcccaag420
gaccagtagc tgccatcagt ttggattctg aaaactaact ggcatcaaca ctgggtgtag480
aaacatgctt gccttatgta tcagaggaca tgctcagcag atccaagaga tatatttggc540
aacttttttct agaaaaggca cattgggtat cattcattac attcttgagg ttttttgggg600
ttttttttttt ttttttttga gacagtcttg ctgtattgcc caggctggga gtgtggtggc660
acaatcacag ctcattgcat cctcaatcac ccagggccta agcaatcctc ccaccttgta720
gctgggacta cagctcacag cacaccgggc taaaattttt ttttgttgag acggtttttc780
tatgttgccc gggtggtttt cagggtccgg ggttcagatg gtc                  823
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1082 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: lin ar

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

```
gggcgcacat aaggtgtgac cttttcattc ccgttgttat ggagggccac atctgccaga  60
gcctggagtc tgcgaaggcc gggacccggt tccccggccc acagtggggg tgtgcaaacc 120
cgagagaact ggtcgctgaa acctctacaa cttagttgac cgtaactgcc agagccctgc 180
cctgaattcc tgtccttact ccctctttaa gattgcgtac ccactgcaga gtgctgaaga 240
cggggtagcc acgaggttgc aaattcgtga agaatcagca tcatgtttgg cagctgagta 300
ttggagccag gagcctgcca tgaggttttg agaacagagt gctgttttag agctggcagc 360
agcatctcag cccaagagaa ggttatattc ccagaggatg tcagtcccaa ggaccagtag 420
ctgccatcag tttggattct gaaaactaac tggcatcaac actgggtgta gaaacatgct 480
tgccttatgt atcagaggac atgctcagca gatccaagag atatatttgg caacttttc 540
tagaaaaggc acattgggta tcattcatta cattcttgag ttttttgggg ttttttttt 600
ttttttttga gacagtcttg ctgtattgcc caggctggag tgtggtggca caatcacagc 660
tcattgcatc ctcaatcacc caggcctaag caatcctccc accttgtagc tgggactaca 720
gctcacagca cacctggcta aaatttttt tttgttgaga cggattctct atgttgccca 780
ggctggtctc aggctcctgg gctcagatgg tcctcctgcc tcagcttcca aaggcacagg 840
ccaagttgta gctttgtccc ttgccatcat gcccaacaag aggttctata ccttttaatg 900
aattgacttt cataaattgg ttatgttggt gggcaagttc tttaagctgg aaattgtaaa 960
ttcctcctga aatgtttttt catgcagtta ccatgaacta atactacaat aaaggatggt1020
cttgggtgtc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaagaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1080
aa                                                              1082
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1548 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```
cccattccat agggaatgag ctgggctgtc ctttctcccc acgttcacct gcacttcgtt  60
agagagcagt gttcacatgc cacaccacaa gatccccaca atgacataac tccattcaga 120
gactggcgtg actgggctgg gtctccccac ccccccttc agctcttgta tcactcagaa 180
tctggcagcc agttccgtcc tgacagagtt cacagcatat attggtggat tcttgtccat 240
agtgcatctg ctttaagaat taacgaaagc agtgtcaaga cagtaaggat tcaaaccatt 300
tgccaaaaat gagtctaagt gcatttactc tcttcctggc attgattggt ggtaccagtg 360
gccagtacta tgattatgat tttcccctat caatttatgg gcaatcatca ccaaactgtg 420
caccagaatg taactgccct gaaagctacc caagtgccat gtactgtgat gagctgaaat 480
tgaaaagtgt accaatggtg cctcctggaa tcaagtatct ttaccttagg aataaccaga 540
ttgaccatat tgatgaaaag gcctttgaga atgtaactga tctgcagtgg ctcattctag 600
atcacaacct tctagaaaac tccaagataa aagggagagt tttctctaaa ttgaaacaac 660
tgaagaagct gcatataaac cacaacaacc tgacagagtc tgtgggccca cttcccaaat 720
ctctggagga tctgcagctt actcataaca agatcacaaa gctgggctct tttgaaggat 780
tggtaaacct gaccttcatc catctccagc acaatcggct gaaagaggat gctgtttcag 840
ctgcttttaa aggtcttaaa tcactcgaat accttgactt gagcttcaat cagatagcca 900
gactgccttc tggtctccct gtctctcttc taactctcta cttagacaac aataagatca 960
gcaacatccc tgatgagtat ttcaagcgtt ttaatgcatt gcagtatctg cgtttatctc1020
acaacgaact ggctgatagt ggaatacctg gaaattcttt caatgtgtca tccctggttg1080
agctggatct gtcctataac aagcttaaaa acataccaac tgtcaatgaa aaccttgaaa1140
actattacct ggaggtcaat caacttgaga agtttgacat aaagagcttc tgcaagatcc1200
tggggccatt atcctactcc aagatcaagc atttgcgttt ggatggcaat cgcatctcag1260
aaaccagtct tccaccggat atgtatgaat gtctacgtgt tgctaacgaa gtcactctta1320
attaatatct gtatcctgga acaatatttt atggttatgt ttttctgtgt gtcagttttc1380
atagtatcca tattttatta ctgtttatta cttccatgaa ttttaaaatc tgagggaaat1440
gttttgtaaa catttatttt tttttaaagg aaaaggatgg aaaggccagg gcctaatttc1500
catccaccaa ggaacacacc acattattcc acggaatagg ccatcggg             1548
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 844 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

```
acctgcagag gggtccatac ggcgttgttc tggattcccg tcgtaactta aagggaaatt 60
ttcacaatgt ccggagccct tgatgtcctg caaatgaagg aggaggatgt ccttaagttc120
cttgcagcag gaacccactt aggtggcacc aatcttgact tccagatgga acagtacatc180
tataaaagga aaagtgatgg catctatatc ataaatctca agaggacctg ggagaagctt240
ctgctggcag ctcgtgcaat tgttgccatt gaaaaccctg ctgatgtcag tgttatatcc300
tccaggaata ctggccagag ggctgtgctg aagtttgctg ctgccactgg agccactcca360
attgctggcc gcttcactcc tggaaccttc actaaccaga tccaggcagc cttccgggag420
ccacggcttc ttgtggttac tgaccccagg gctgaccacc agcctctcac ggaggcatct480
tatgttaacc tacctaccat tgcgctgtgt aacacagatt ctcctctgcg ctatgtggac540
attgcaatcc catgcaacaa caaggtaatg attttaggat ctagagtttg tgaatgcgtg600
ctctagaaaa aacattcctg tgcacattgt tagagcttgg agttgaggct actgactggc660
cgatgaactc gcaagtgtag gtagtgtgct acatgagggg caagttttcg ctaacaccac720
aagggtctct ggcccaatga gtggagtttg atagtaattc ttgctacaag tataacatta780
ctgcatgaca gctttgtgga gaaatgaaaa catttggaaa atagtgtgtt ctctgccttg840
tcca                                                              844
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 862 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```
gagcaagaga gaaggaggcc cagacagtga gggcaggagg gagagaagag acgcagaagg 60
agagcgagcg agagagaaag ggttctggat tgggggggag agcaagggag ggaggaaggc120
ggtgagagag gcgggggcct cgggagggtg aaaggggga ggagaagggc ggggcacgga180
ggcccgagcg agggacaaga ctccgactcc agctctgact tttttcgcgg ctctcggctt240
ccactgcagc catgtcactc ctcttgctgg tggtctcagc ccttcacatc ctcattctta300
tactgctttt cgtggccact ttggacaagt cctggtggac tctccctggg aaagagtccc360
tgaatctctg gtacgactgc acgtggaaca acgacaccaa aacatgggcc tgcagtaatg420
tcagcgagaa tggctggctg aaggcggtgc aggtcctcat ggtgctctcc ctcattctct480
gctgtctctc cttcatcctg ttcatgttcc agctctacac catgcgacga ggaggtctct540
tctatgccac cggcctctgc cagctttgca ccagcgtggc ggtgtttact ggcgccttga600
```

```
tctatgccat tcacgccgag gagatcctgg agaagcaccc gcgaggggc agcttcggat660
actgcttcgc cctggcctgg gtggccttcc ccctcgccct ggtcagcggc atcatctaca720
tccacctacg gaagcgggag tgagcgcccc gcctcgctcg gctgcccccg ccccttcccg780
gccccctcg ccgcgcgtcc tccaaaaaat aaaaccttaa ccgcggggaa aaaaaaaaaa840
aaaaaggaag gaaaaaaaaa aa                                        862
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 546 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:22

```
cccagccaag ggtccttcag gtaggaggtc ctgggtgact ttggaagtcc gtagtgtctc 60
attgcagata atttttagct tagggcctgg tggctaggtc ggttctctcc tttccagtcg120
gagacctctg ccgcaaacat gctccgccag atcatcggtc aggccaagaa gcatccgagc180
ttgatccccc tctttgtatt tattggaact ggagctactg gagcaacact gtatctcttg240
cgtctggcat tgttcaatcc agatgtttgt tgggacagaa ataacccaga gccctggaac300
aaactgggtc ccaatgatca atacaagttc tactcagtga atgtggatta cagcaagctg360
aagaaggaac gtccagattt ctaaatgaaa tgtttcacta taacgctgct ttagaatgaa420
ggtcttccag aagccacatc cgcacaattt tccacttaac caggaaatat ttctcctctt480
aaatgaatga aatcaatggt ggggggcgct attggaagcc ctattggggt tcaagtgttg540
aataaa                                                          546
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1591 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

```
gccgaggagc cgagcccgcc acccccccgc ccgcccgccg ccgccatggg ctgcctcggg   60
aacagtaaga ccgaggacca gcgcaacgag gagaaggcgc aggtgaggcc aacaaaaaga  120
tcgagaagca gctgcagaag gacaagcagg tctaccgggc cacgcaccgc ctgctgctgc  180
tgggtgctgg agaatctggt aaaagcacca ttgtgaagca gatgaggatc ctgcatgtta  240
atgggtttaa tggagacagt gagaaggcaa ccaaagtgca ggacatcaaa aacaacctga  300
aagaggcgat tgaaaccatt gtggccgcca tgagcaacct ggtgcccccc gtggagctgg  360
ccaaccccga gaaccagttc agagtggact acattctgag tgtgatgaac gtgcctgact  420
ttgacttccc tcccgaattc tatgagcatg ccaaggctct gtgggaggat gaaggagtgc  480
gtgcctgcta cgaacgctcc aacgagtacc agctgattga ctgtgcccag tacttcctgg  540
acaagatcga cgtgatcaag caggctgact atgtgccgag cgatcaggac ctgcttcgct  600
gccgtgtcct gacttctgga atctttgaga ccaagttcca ggtggacaaa gtcaacttcc  660
acatgtttga cgtgggtggc cagcgcgatg aacgccgcaa gtggatccag tgcttcaacg  720
atgtgactgc catcatcttc gtggtggcca gcagcagcta caacatggtc atccgggagg  780
acaaccagac caaccgcctg caggaggctc tgaacctctt caagagcatc tggaacaaca  840
gatggctgcg caccatctct gtgatcctgt tcctcaacaa gcaagatctg ctcgctgaga  900
aagtccttgc tgggaaatcg aagattgagg actactttcc agaatttgct cgctacacta  960
ctcctgagga tgctactccc gagcccggag aggacccacg cgtgacccgg gccaagtact1020
tcattcgaga tgagtttctg aggatcagca ctgccagtgg agatgggcgt cactactgct1080
accctcattt cacctgcgct gtggacactg agaacatccg ccgtgtgttc aacgactgcc1140
gtgacatcat tcagcgcatg caccttcgtc agtacgagct gctctaagaa gggaacccccc1200
aaatttaatt aaagccttaa gcacaattaa ttaaaagtga aacgtaattg tacaagcagt1260
taatcaccca ccatagggca tgattaacaa agcaaccttt cccttccccc gagtgatttt1320
gcgaaacccc cttttccctt cagcttgctt agatgttcca aatttagaaa gcttaaggcg1380
gcctacagaa aaaggaaaaa aggccacaaa agttccctct cactttcagt aaaaataaat1440
aaaacagcag cagcaaacaa ataaaatgaa ataaaagaaa caaatgaaat aaatattgtg1500
ttgtgcagca ttaaaaaaaa tcaaaataaa aattaaatgt gagcaaagga aaaaaaaaaa1560
ggcaaaaggg gaaagaagaa aaggggggggg                                  1591
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 441 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```
ggcaggcaga tacgttcgtc agcttgctcc tttctgcccg tggacgccgc cgaagaagca 60
tcgttaaagt ctctcttcac cctgccgtca tgtctaagtc agagtctcct aaagagcccg120
aacagctgag gaagctcttc attggagggt tgagctttga aacaactgat gagagcctga180
ggagccattt tgagcaatgg ggaacgctca cggactgtgt ggtaatgaga gatccaaaca240
ccaagcgctc caggggcttt gggtttgtca catatgccac tgtggaggag gtggatgcag300
ctatgaatgc aaggccacac aaggtggatg gaagagttgt ggaaccaaag agagctgttt360
cagagaagat ttgaaaagcc aggtgccact tacctgtgaa aaggtatttg ttggtggatt420
aaggagcact tgagacatca c                                          441
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1131 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```
cgggaggtga aatccggttc taaccggtcc ggggctccca gcgctataaa aactttataa  60
acccccggga gcccgagcag tgtgaagaag aggcgagaac gacccccgga ccgaccaaag 120
cccgcgcgcc gctgcatccc gcgtccagca cctacgtccc gctgccgtcg ccgccgccac 180
catgcccaag agaaaggctg aaggggatgc taagggagat aaagcaaagg tgaaggacga 240
accacagaga agatccgcga ggttgtctgc taaacctgct cctccaaagc cagagcccaa 300
gcctaaaaag gcccctgcaa agaagggaga gaaggtaccc aaagggaaaa agggaaaagc 360
tgatgctggc aaggagggga ataaccctgc agaaaatgga gatgccaaaa cagaccaggc 420
acagaaagct gaaggtgctg gagatgccaa gtgaagtgtg tgcatttttg ataactgtgt 480
acttctggtg actgtacagt ttgaaatact atttttatc aagttttata aaaatgcaga 540
attttgtttt actttttttt ttttttaaa agctatgttg ttagcacaca gaacacttca 600
ttgttgtttt tgggggaagg ggcatatgtc actaatagaa tgtctccaaa gctggattga 660
tgtggagaaa acacctttcc cttctagttt tgagagactt cctcttggct cccaggagga 720
```

```
gggattccct gactttgaca cacatggcca ccttggcaca aaagccttgt ggtatagaaa 780
aacaaatttg tttttatgtc ctcttctccc tttccatctt tcagcataga cttaactccc 840
ttaagcccag acatctgttg agacctgacc cctagtcatt ggttaccagt gtgtcaggca 900
atctggactt tccagtgatg ccactgagat ggcacctgtc aaaagagcag tggttccatt 960
tctagattgt ggatcttcag ataaattctg ccattttcat ttcacttcct gaaagtcagg1020
gtcggcttgt gaaaagttgt taaacaacat gctaaatgtg aaatgtcaac cctcactcta1080
aaacttttcc ctgggtcaga ggatccgatg gaggacttca attgggggtt t         1131
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1071 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

```
gtaccctcaa agacagagac accaagaaga atcggaacat acaggctttg atatcaaagg  60
tttataaagc caatatctgg gaaagagaaa accgtgagac ttccagatct tctctggtga 120
agtgttgttt cctgcaacga tcacgaacat gaacatcaaa ggatcgccat ggaaagggtc 180
cctcctgctg ctgctggtgt caaacctgct cctgtgccag agcgtggccc ccttgcccat 240
ctgtcccggc ggggctgccc gatgccaggt gacccttcga gacctgtttg accgcgccgt 300
cgtcctgtcc cactacatcc ataacctctc ctcagaaatg ttcagcgaat tcgataaacg 360
gtatacccat ggccgggggt tcattaccaa ggccatcaac agctgccaca cttcttccct 420
tgccaccccc gaagacaagg agcaagccca acagatgaat caaaaagact ttctgagcct 480
gatagtcagc atattgcgat cctggaatga gcctctgtat catctggtca cggaagtacg 540
tggtatgcaa gaagccccgg aggctatcct atccaaagct gtagagattg aggagcaaac 600
caaacggctt ctagagggca tggagctgat agtcagccag gttcatcctg aaaccaaaga 660
aaatgagatc taccctgtct ggtcgggact tccatccctg cagatggctg atgaagagtc 720
tcgcctttct gcttattata acctgctcca ctgcctacgc agggattcac ataaaatcga 780
caattatctc aagctcctga agtgccgaat catccacaac aacaactgct aagcccacat 840
ccatttcatc tatttctgag aaggtcctta atgatccgtt ccattgcaag cttcttttag 900
ttgtatctct tttgaatcca tgcttgggtg taacaggtct cctcttaaaa aataaaaact 960
gactccttag agacatcaaa atctaaaaaa acttaatggg ccgggcgcag tggctcatgg1020
ctgtggtccc ggcactttgg gaggccgagg caggcggatc aggaggtcag g         1071
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 896 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:27

```
gtgaccggct cagaccggtt ctggagacaa aaggggccgc ggcggccgga gcgggacggg 60
cccggcgcgg gagggagcga agagcgcggg cagcgagcga gatgcagcac cgaggcttcc120
tcctcctcac cctcctcgcc ctgctggcgc tcacctccgc ggtcgccaaa aagaaagata180
aggtgaagaa gggcggcccg gggagcgagt gcgctgagtg ggcctggggg ccctgcaccc240
ccagcagcaa ggattgcggc gtgggtttcc gcgagggcac ctgcggggcc cagacccagc300
gcatccggtg cagggtgccc tgcaactgga agaaggagtt tggagccgac tgcaagtaca360
agtttgagaa ctggggtgcg tgtgatgggg gcacaggcac caaagtccgc caaggcaccc420
tgaagaaggc gcgctacaat gctcagtgcc aggagaccat ccgcgtcacc aagccctgca480
cccccaagac caaagcaaag gccaaagcca agaaagggaa gggaaaggac tagacgccaa540
gcctggatgc caaggagccc ctggtgtcac atggggcctg gcccacgccc tccctctccc600
aggcccgaga tgtgacccac cagtgccttc tgtctgctcg ttagctttaa tcaatcatgc660
cctgccttgt ccctctcact ccccagcccc acccctaagt gcccaaagtg gggagggaca720
agggattctg ggaagcttga gcctccccca aagcaatgtg agtcccagag cccgcttttg780
ttcttcccca caattccatt actaagaaac acatcaaata aactgacttt ttccccccaa840
aaaaagctct tctttttaa tataaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagaaa    896
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1050 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

```
ttttcatttt ttttttttt tttttctcag ttcaagttta atacaaacta caaaagatta  60
atgggttgct ctactaatac atcatacaaa ccagtagcct gcccacaacg ccaactcagg 120
ccattcctac caaaggaaga aaggctggtc tctccacccc ctgtaggaaa ggcctgcctt 180
gtaagacacc acaattcggc tgaatctgaa gtcttgtgtt ttactaatgg aaaaaaaaaa 240
tacagaagag gttttgttct catggctgcc caccgcagcc tggcactaaa acagcccagc 300
gctcacttct gcttggagaa atattctttg ctcttttgga catcaggctt gatggtatca 360
ctgccaggtt tccagccagc tgggcacact tccccatgtt tgtcagtgaa ctggaaggcc 420
tgaactagtc tcaaagtctc atccacagag cggccaacag ggaggtcatt tacagtgatc 480
tgccgaagaa tacccttatc atcaatgata aaaaggcccc tgaacgagat gccttcatca 540
gcctttaaga ccccataatc ctgagcaatg gtgcgcttcg ggtctgatac caaaggaatg 600
ttcatgggtc ccagtcctcc ttgtttctta ggtgtattga cccatgctag atgacagaag 660
tgagaatcca cagaagcacc aatcacttgg cagttgagtt tcttaaattc ttctgcccta 720
tcactgaaag caatgatctc cgtggggcac acaaaggtga agtcaagagg gtaaaagaag 780
aacacaacat attttccttt gtagtcagac aggctgatat ctttaaactg accatctggc 840
ataacagctg tggctttgaa gttgggggca gggtgcccaa ttttagcatt tcctgaagac 900
atcttcctat cagcagtccc aacacaagtc gcagaaacta accaccgaca ccaggcaaga 960
acaagacgcg caagagctct ccggggcgct gcctttatag ccagtaggga tctcgccaca1020
gtcggaacgg acgggggtgc cggagtagga                                  1050
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 581 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```
caggcttcct tctggcaaca ggcgtgggtc acgctctcgc tcggtctttc tgccgccatc 60
ttggttccgc gttccctgca caaaatgccc ggcgaacacc agaaaccgtc cctgctacag120
agcaggagtt gccgcagccc caggctgaga cagggtctgg aacagaatct gacagtgatg180
aatcagtacc agagcttgaa gaacaggatt ccacccaggc aaccacacaa caagcccagc240
tggcggcagc agctgaaatc gatgaagaac cagtcagtaa agcaaaacag agtcggagtg300
aaaagaaggc acggaaggct atgtccaaac tgggtcttcg gcaggttaca ggagttacta360
```

gagtcactat ccggaaatct aagaatatcc tctttgtcat cacaaaacca gttgtctaca420
agagccctgc ttcagatacg tacatagttt ttggggaagc cagatcgaag attatcccag480
caagcacaac tagcagctgc tgagaagtca agttcaggtg aactgtctca acgttcagga540
aacccccggc ttccactgta gaggggggagt aaggggaggg t 581

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 264 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

gggactatgt tgtgagcctg cgaaagaagt ttgtgtgggg actgtgggca gtgaatgcgt 60
tgggaacaat atggaaaact gggagctgcc ctcagtttct ccccaagttg gactcacttt120
cggggtgtcc caaaagcctg attccagggc ctgctagccc gaccccggtg acgcctccac180
ccgcgcctgg ccccagcctt cacccgcgat cgccgccctc cggggcacac cctccgccag240
aaaacagccg gcgggcggcg agac 264

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 111 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```
cggcgaatca cttataaatg gcgccgaagc aggagcccga aggctaaatt gcaggagggg 60
tgagcgaatg ctgtgctttc atgggcctct tacgttgatg aggcaaagta t          111
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 32:

```
PFCEETKTER LWPRCRPPAA VGFSTQNPGV GDSESNLFSL PFLGSKANPI PTHWSSALIF60
NLPSPPFQNT HIPFQN                                                  76
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 33:

```
SSFLFSFQTQ FHKNRKDKVF SSRQAKPFPH HQSILKIHEE VERSVSGRLK GSSSSNPTAA60
EKIEIEILKI TS                                                      72
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 34:

KKLDYFCAEI KNSHCKTKIK IAQIRKPGGA KCQVSKVHFF SLSKRSSTKT ARIKFSVADK60
QSPFHIINQS 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 35:

SSGPAPGCSP FAGTRKNFPS MVVLERTFLK INYIFLCIPM EFQFIRCSPW PPQNTEVIPA60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 36:

ASGVHTETHR YNLLSAKSRK KGWGYLGWLG FDFLLVCLFC TKTVLSFEYR RDISIYMLSN60
QDG 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(A) LÄNGE: 170 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 37:

ARAARAAQTP HLTLPADLQT LHLNRPTLSP ESKLEWNNDI PEVNHLNSEH WRKTEKWTGH 60
EETNHLETDF SGDGMTELEL GPSPRLQPIR RHPKELPQYG GPGKDIFEDQ LYLPVHSDGI120
SVHQMFTMAT AEHRSNSSIA GKMLTKVEKN HEKEKSQHLE GSASSSLSSD 170

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 38:

ARAPTLDMRF RRRLSADPHA TQRNSAEARG TMDGRVQLMK ALLAGPLRPA ARRWRNPIPF 60
PETFDGDTDR LPEFIVQTCS YMFVDENTFS NDALKVTFLI TRLTGPALQW VIPYIRKESP120
LLNDYRGFLA EMKRVFGWEE DEDF 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 39:

```
HSLGRAPVET LAVATGTANS SQSTRPQARG SPGLEVLVLL PSKDSLHLGQ KAPVIIEQGA 60
LLPDVGDHPL QGWPREAGDE ERHLQGVVGE RVLVHEHVGA RLHDELRESV GISVKRLGKG120
NRVPPATRRG PEGPGQEGLH QLHPTVHRAA RLRGVSLGCV GVSAKASPEA HVEGGGPG  178
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 40:

```
KLTGINTGCR NMLALCIRGH AQQIQEIYLA TFSRKGTLGI IHYILEVFLG FFFFFLRQSC60
CIAQAGSVVA QSQLIASSIT QGLSNPPTL                                   89
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 41:

IVTWRKVPMS LCQRPPPFVR IGIFRLLKGL AHIRCDLFIP VVMEGHICQS LESAKAGTRF 60
PGPQWGCANP RELGCKFVKN QHHVWQLSIG ARSLP 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(A) LÄNGE: 154 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 42:

CQLVFRIQTD GSYWSLGLTS SGNITFSWAE MLLPALKQHS VLKTSWQAPG SNTQLPNMML 60
ILHEFATQFS RVCTPPLWAG EPGPGLRRLQ ALADVALHNN GNEKVTPYVR QALKESEYPN 120
PHKRRGTLAK THGNFPPSND LDRRATQDSP SCSV 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 43:

LASTLGVETC LPYVSEDMLS RSKRYIWQLF LEKAHWVSFI TFLSFFGFFF FFFETVLLYC 60
PGWSVVAQSQ LIASSITQA 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 44:

CQLVFRIQTD GSYWSLGLTS SGNITFSWAE MLLPALKQHS VLKTSWQAPG SNTQLPNMML 60
ILHEFATSWL PRLQHSAVGT QS 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 45:

RGSKDRNSGQ GSGSYGQLSC RGFSDQFSRV CTPPLWAGEP GPGLRRLQAL ADVALHNNGN 60
EKVTPYVR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 46:

DYVVSLRKKF VWGLWAVNAL GTIWKTGSCP QFLPKLDSLS GCPKSLIPGP ASPTPVTPPP 60
APGPSLHPRS PPSGAHPPPE NSRRAAR 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 47:

QALESGFWDT PKVSPTWGET EGSSQFSILF PTHSLPTVPT QTSFAGSQHS P 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(A) LÄNGE: 20 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 48:

RRITYKWRRS RSPKAKLQEG 20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(A) LÄNGE: 36 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 49:

GESLINGAEA GARRLNCRRG ERMLCFHGPL TLMRQS 36

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(A) LÄNGE: 26 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 50:

KHSIRSPLLQ FSLRAPASAP FISDSP 26

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 51:

EAHESTAFAH PSCNLAFGLL LRRHL 25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 3665 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

GGCCATTTTG TGAAGAGACG AAGACTGAGC GGTTGTGGCC GCGTTGCCGA CCTCCAGCAG 60
CAGTCGGCTT CTCTACGCAG AACCCGGGAG TAGGAGACTC AGAAATCGAA TCTCTTCTCC 120
CTCCCCTTCT TGGGCAGCAA GGCGAACCCC ATCCCTACTC ACTGGAGCTC AGCTTTGATT 180
TTTAACCTCC CTTCCCCACC CTTCCAGAAC ACACACATTC CATTCCAAAA CTGATTTTAT 240
AAAGACATTT TAAACATAAT GATGCAACTT GGTGTGCACT ACAGCAAATG TACAGGTGTT 300
TTTTTTTTAA TTGTTTCCAA AACCGGGACC TGGATTTAAG ATGTAATTTT TAAAATTTCT 360
ATTTCTATTT TTTCTGCAGC AGTTGGGTTA GAGGAGGAGG AGCCTTTTAG CCTCTCATAA 420
ACTGACCTCT CTACTTCCTC GTGTATTTTT AAGATTGATT GATGATGTGG AAAGGGCTTT 480
GCTTGTCTGC TACTGAAAAC TTTATCCTGC GGTTTTTGTG GAAACTGCTT TTGGAAAGAG 540
AAAAGAAATG AACTTTACTG ACTTGACATT TTTGCACCTC CCGTTTTTCT AATCTGGGCT 600
ATTTTTATTT TTGTTTTTTT ACAGTGAGAT TTTTTTGATC TTCAGCTTAC ATTTTCGGGC 660
TTTGTGAGGA AACCTTTACC CATCAAACAC GATGGCCAGC AACGTTACCA ACAAGACAGA 720
TCCTCGCTCC ATGAACTCCC GTGTATTCAT TGGGAATCTC AACACTCTTG TGGTCAAGAA 780
ATCTGATGTG GAGGCAATCT TTTCGAAGTA TGGCAAAATT GTGGGCTGCT CTGTTCATAA 840
GGGCTTTGCC TTCGTTCAGT ATGTTAATGA GAGAAATGCC CGGGCTGCTG TAGCAGGAGA 900
GGATGGCAGA ATGATTGCTG GCCAGGTTTT AGATATTAAC CTGGCTGCAG AGCCAAAAGT 960
GAACCGAGGA AAAGCAGGTG TGAAACGATC TGCAGCGGAG ATGTACGGCT CCTCTTTTGA1020
CTTGGACTAT GACTTTCAAC GGGACTATTA TGATAGGATG TACAGTTACC CAGCACGTGT1080
ACCTCCTCCT CCTCCTATTG CTCGGGCTGT AGTGCCCTCG AAACGTCAGC GTGTATCAGG1140
AAACACTTCA CGAAGGGGCA AAAGTGGCTT CAATTCTAAG AGTGGACAGC GGGGATCTTC1200
CAAGTCTGGA AAGTTGAAAG GAGATGACCT TCAGGCCATT AAGAAGGAGC TGACCCAGAT1260
AAAACAAAAA GTGGATTCTC TCCTGGAAAA CCTGGAAAAA ATTGAAAAGG AACAGAGCAA1320
ACAAGCAGTA GAGATGAAGA ATGATAAGTC AGAAGAGGAG CAGAGCAGCA GCTCCGTGAA1380
GAAAGATGAG ACTAATGTGA AGATGGAGTC TGAGGGGGGT GCAGATGACT CTGCTGAGGA1440
GGGGGACCTA CTGGATGATG ATGATAATGA AGATCGGGGG GATGACCAGC TGGAGTTGAT1500
CAAGGATGAT GAAAAAGAGG CTGAGGAAGG AGAGGATGAC AGAGACAAGG CCAATGGCGA1560
GGATGACTCT TAAGCACATA GTGGGGTTTA GAAATCTTAT CCCATTATTT CTTTACCTAG1620
GCGCTTGTCT AAGATCAAAT TTTTCACCAG ATCCTCTCCC CTAGTATCTT CAGCACATGC1680
TCACTGTTCT CCCCATCCTT GTCCTTCCCA TGTTCATTAA TTCATATTGC CCCGCGCCTA1740

GTCCCATTTT CACTTCCTTT GACGCTCCTA GTAGTTTTGT TAAGTCTTAC CCTGTAATTT1800
TTGCTTTTAA TTTTGATACC TCTTTATGAC TTAACAATAA AAAGGATGTA TGGTTTTTAT1860
CAACTGTCTC CAAAATAATC TCTTGTTATG CAGGGAGTAC AGTTCTTTTC ATTCATACAT1920
AAGTTCAGTA GTTGCTTCCC TAACTGCAAA GGCAATCTCA TTTAGTTGAG TAGCTCTTGA1980
AAGCAGCTTT GAGTTAGAAG TATGTGTGTT ACACCCTCAC ATTAGTGTGC TGTGTGGGGC2040
AGTTCAACAC AAATGTAACA ATGTATTTTT GTGAATGAGA GTTGGCATGT CAAATGCATC2100
CTCTAGAAAA ATAATTAGTG TTATAGTCTT AAGATTTGTT TTCTAAAGTT GATACTGTGG2160
GTTATTTTTG TGAACAGCCT GATGTTTGGG ACCTTTTTTC CTCAAAATAA ACAAGTCCTT2220
ATTAAACCAG GAATTTGGAG AAAAAAAAAA AAAAAAATTT TTTATTTTTG TATTTTATTA2280
TTGTTTACTT CAAACTTTGT TTTACAGCGT CCTCCACAAA ACCTCTAGAA TGCACTAGAT2340
ATATTTTTCT TGGAGTCATA ATCATGATGC ATACCAACAC AACACTACTC AAATTATATT2400
TCATTGAGAT GCATGTTGCA TTGAGGAGTC AACTTGACAT AGAGTGGAGA CTTTTTCAAA2460
ATGGCTTTTA CATCCTAATG AAAGTTTGGG AAGTATATCC TCTCTGCCTT TTCATCAGTG2520
CTTTGTGGTC CAGCTGGCAC CCTTTCTGAG GTTTGTGTTT TGTGCTAAAT GGTTTTGTCC2580
TTAAATAGGA GAGGCTCAAA AACATCAAGA TTTCAGGAAA ATGGCGACAC TGGCATAATG2640
GAACCCCCCT GCTTCTATTT TGTTCTTTTA ATTACTATTT ATAGCCCCAG TTACCTTCTG2700
AATTCTGAAG TGTATATACC TCCATGTTCC TGAAAACAAG AAAACTCTTA CTTCCTGATA2760
TTCCATAGAC TGCCTTCCCA GGTGATTGAG AACATAGAGA ATGTTACACA TTTATTTTAC2820
TCTAAATGAT CTTTTACCCC TGTTAGCTAA TCTTTGTGTT TTCCTCAACT TTATTAATTA2880
CAGTGATTGC ATTTTTAGCA TCCAGTTGTA AGATGAATAT ATTAAACAGC TACCAGTGTT2940
GGTGATACCT CATCCTTGAA AGGCTTAGTT CATTTGTGTT TTATACTTCA GTTTTTCCAG3000
CATAGCAGAA AATGCCGCTT ATAATTTTTG TGCACACAAA CCTTGGAATC CCCCTGTAAA3060
GTTGCTATGG TTTCATAGCA TGCGGCACTG GCCCCTTTTT CATCCCACTC ATTACAGGCA3120
AAACCCATGT CTTATTTATG AGGATTTTAT AGATCATTTT CTGTAACAGG TGACAAAAGC3180
AGAAAAGAAT GAAGAGGCTG AAGTATGAAC TACCCTTGGA GCCCATATAC ATGATATAGG3240
CAATTTCTTT TGTATGTTAA TTCAGTCAAA AATACTACCC ACTTGATGTT TTCTAATCTG3300
ATGTGAGCTC ATGTTACACA GACTTTTAGT AAGTAACCCG TGACTAGAAA ATAAACTGGA3360
TGCTTAGGAG AGAGTGTCAG ATGTATAAGA TGCTAATAAA ACCTGTTTAA TATTATTGTT3420
AGCTGTAAGT TTTTGGGAAA TACTGAACAA ATTAGTCCAC AATCAAGTGT CTACTTTTCC3480
CTTCACTGTA GGGCCTCTCC CTGCACAGAG CAGTCTGTTT AGCTGTGAAC ACCACAATCT3540
GCAGATGTTC AAGTCCCTTA CATAAAATGG CATAGTATTT ATATGTAACC TATGCATATT3600
CTCCTGTATA TTTTAAATCA TCTCTACATT AAAATACCTG ATAAAATCTA AATAAAAAAA3660
AAAAA 3665

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(A) LÄNGE: 301 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 53:

GNLYPSNTMA SNVTNKTDPR SMNSRVFIGN LNTLVVKKSD VEAIFSKYGK IVGCSVHKGF 60
AFVQYVNERN ARAAVAGEDG RMIAGQVLDI NLAAEPKVNR GKAGVKRSAA EMYGSSFDLD120
YDFQRDYYDR MYSYPARVPP PPPIARAVVP SKRQRVSGNT SRRGKSGFNS KSGQRGSSKS180
GKLKGDDLQA IKKELTQIKQ KVDSLLENLE KIEKEQSKQA VEMKNDKSEE EQSSSSVKKD240
ETNVKMESEG GADDSAEEGD LLDDDDNEDR GDDQLELIKD DEKEAEEGED DRDKANGEDD300
S 301

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 54:

ESSSPLALSL SSSPSSASFS SSLINSSWSS PRSSLSSSSS RSPSSAESSA PPSDSIFTLV 60
SSFFTELLLC SSSDLSFFIS TACLLCSFSI FSRFSRREST FCFIWVSSFL MA 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 55:

TRNLEKKKKK NFLFLYFIIV YFKLCFTASS TKPLECTRYI FLGVIIMMHT NTTLLKLYFI 60
EMHVALRSQL DIEWRLFQNG FYILMKVWEV YPLCLFISAL WSSWHPF 107

Pat ntansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 14-18, 30, 31, 52.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 14-18, 30, 31,52 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.

3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31 und Seq.ID 52, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Uterusmyomgewebe erhöht exprimiert sind.

4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 31 und Seq.ID 52, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.

7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.

8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.

12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geigneter Promotor ist.

13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.

16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.

17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukl insäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1-31 und Seq.ID 52 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.

21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.

23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. Seq. 32-51 und Seq. ID Nos. 53-55.

24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23 binden kann.

26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 23, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 32 bis 51 und Seq. ID Nos. 53-55, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Uterusmyom.

28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1-31 und Seq ID No. 52 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Uterusmyom verwendet werden können.

29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-31 und und Seq ID No. 52 in sense oder antisense Form.

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 und Seq. ID Nos. 53-55 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Uterusmyom.

31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 und Seq. ID Nos. 53-55, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Uterusmyom.

32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 32 bis Seq. ID No. 51 und Seq. ID Nos. 53-55.

33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 31 und Seq. ID 52.

36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

37. Verwendung gemäß Anspruch 36, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

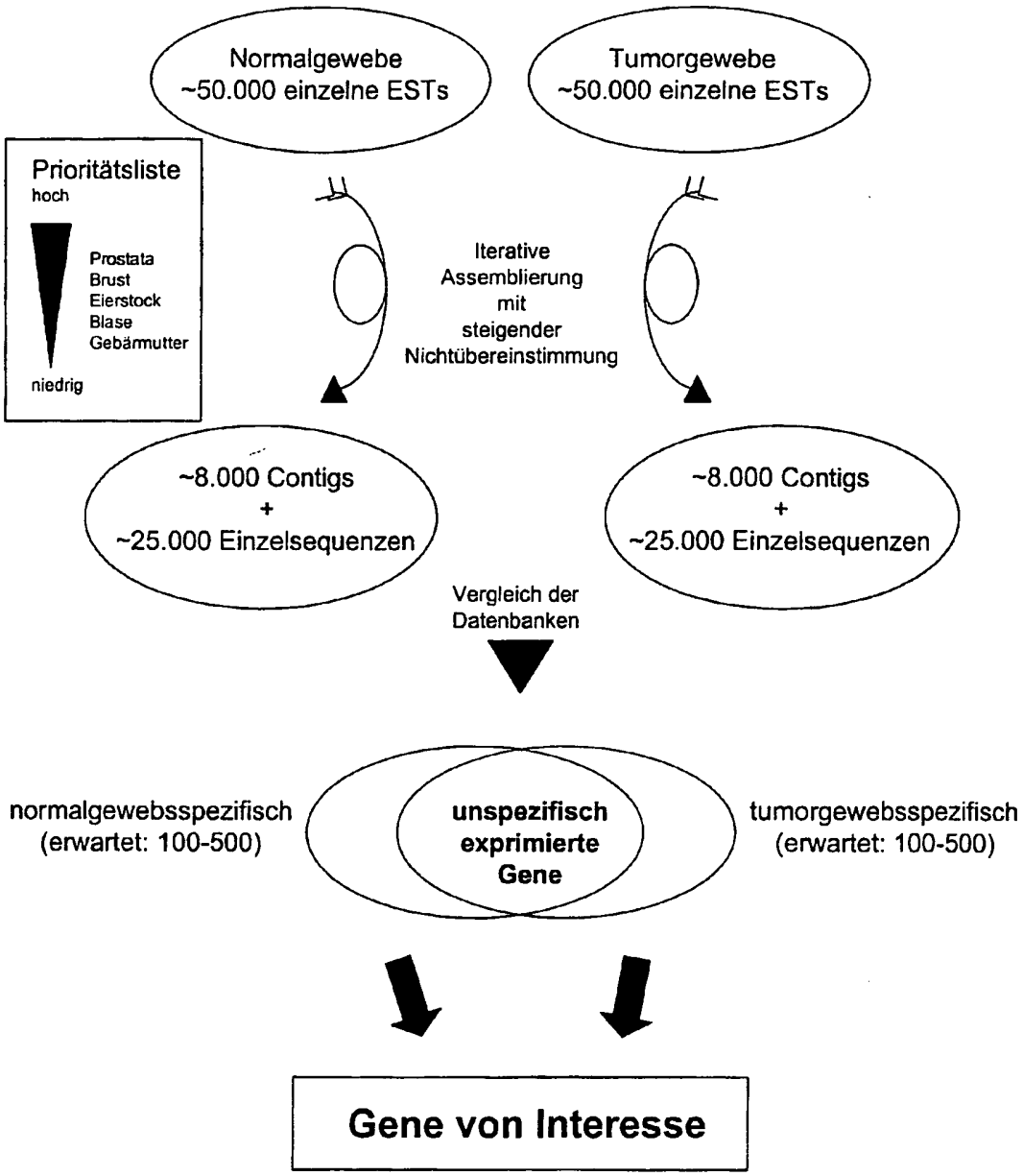


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

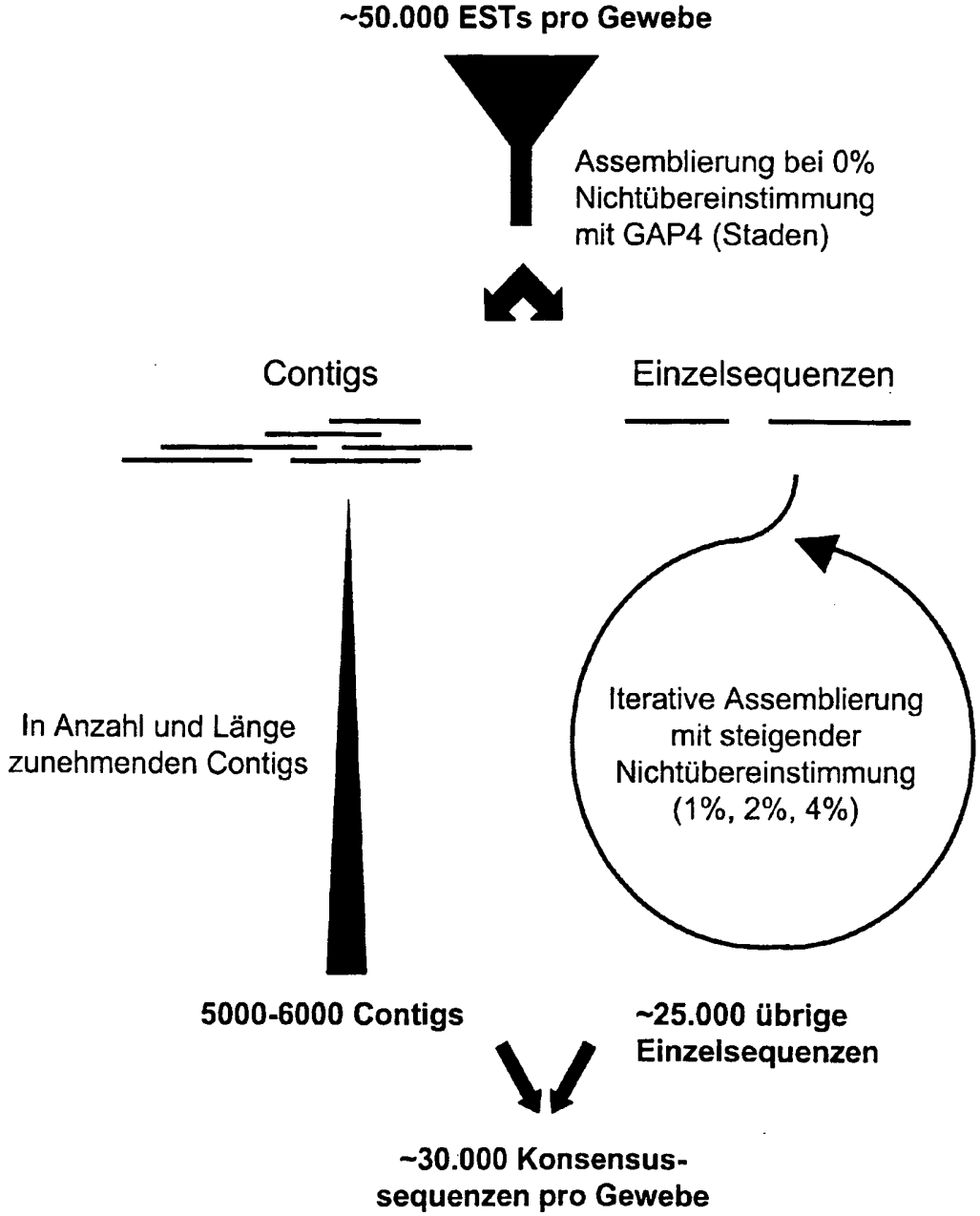


Fig. 2a

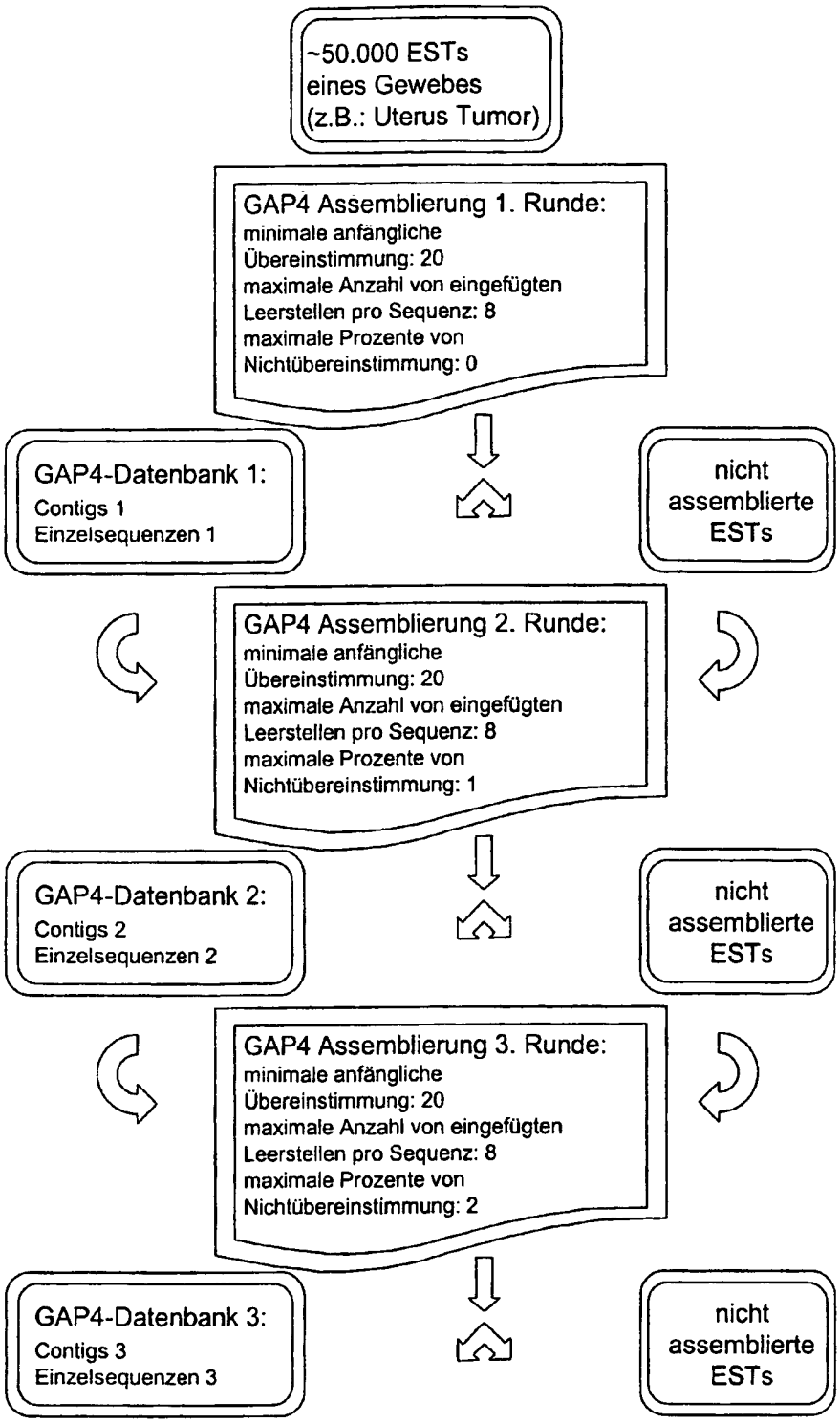

~50.000 ESTs
eines Gewebes
(z.B.: Uterus Tumor)
GAP4 Assemblierung 1. Runde:
minimale anfängliche
Übereinstimmung: 20
maximale Anzahl von eingefügten
Leerstellen pro Sequenz: 8
maximale Prozente von
Nichtübereinstimmung: 0
GAP4-Datenbank 1:
Contigs 1
Einzelsequenzen 1
nicht
assemblierte
ESTs
GAP4 Assemblierung 2. Runde:
minimale anfängliche
Übereinstimmung: 20
maximale Anzahl von eingefügten
Leerstellen pro Sequenz: 8
maximale Prozente von
Nichtübereinstimmung: 1
GAP4-Datenbank 2:
Contigs 2
Einzelsequenzen 2
nicht
assemblierte
ESTs
GAP4 Assemblierung 3. Runde:
minimale anfängliche
Übereinstimmung: 20
maximale Anzahl von eingefügten
Leerstellen pro Sequenz: 8
maximale Prozente von
Nichtübereinstimmung: 2
GAP4-Datenbank 3:
Contigs 3
Einzelsequenzen 3
nicht
assemblierte
ESTs

Fig. 2b1

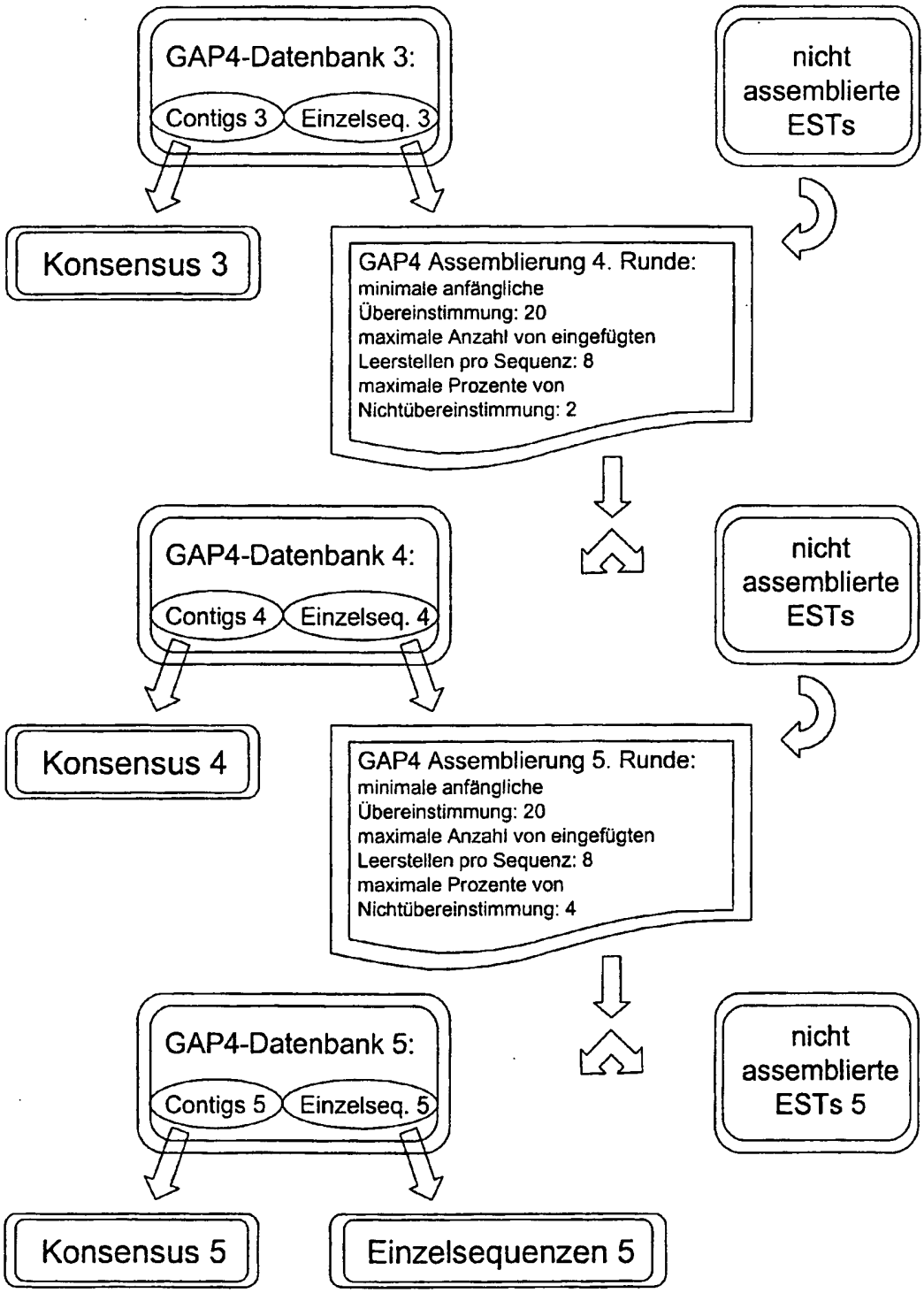

GAP4-Datenbank 3:
Contigs 3
Einzelseq. 3
nicht assemblierte ESTs
Konsensus 3
GAP4 Assemblierung 4. Runde:
minimale anfängliche Übereinstimmung: 20
maximale Anzahl von eingefügten Leerstellen pro Sequenz: 8
maximale Prozente von Nichtübereinstimmung: 2
GAP4-Datenbank 4:
Contigs 4
Einzelseq. 4
nicht assemblierte ESTs
Konsensus 4
GAP4 Assemblierung 5. Runde:
minimale anfängliche Übereinstimmung: 20
maximale Anzahl von eingefügten Leerstellen pro Sequenz: 8
maximale Prozente von Nichtübereinstimmung: 4
GAP4-Datenbank 5:
Contigs 5
Einzelseq. 5
nicht assemblierte ESTs 5
Konsensus 5
Einzelsequenzen 5

Fig. 2b2

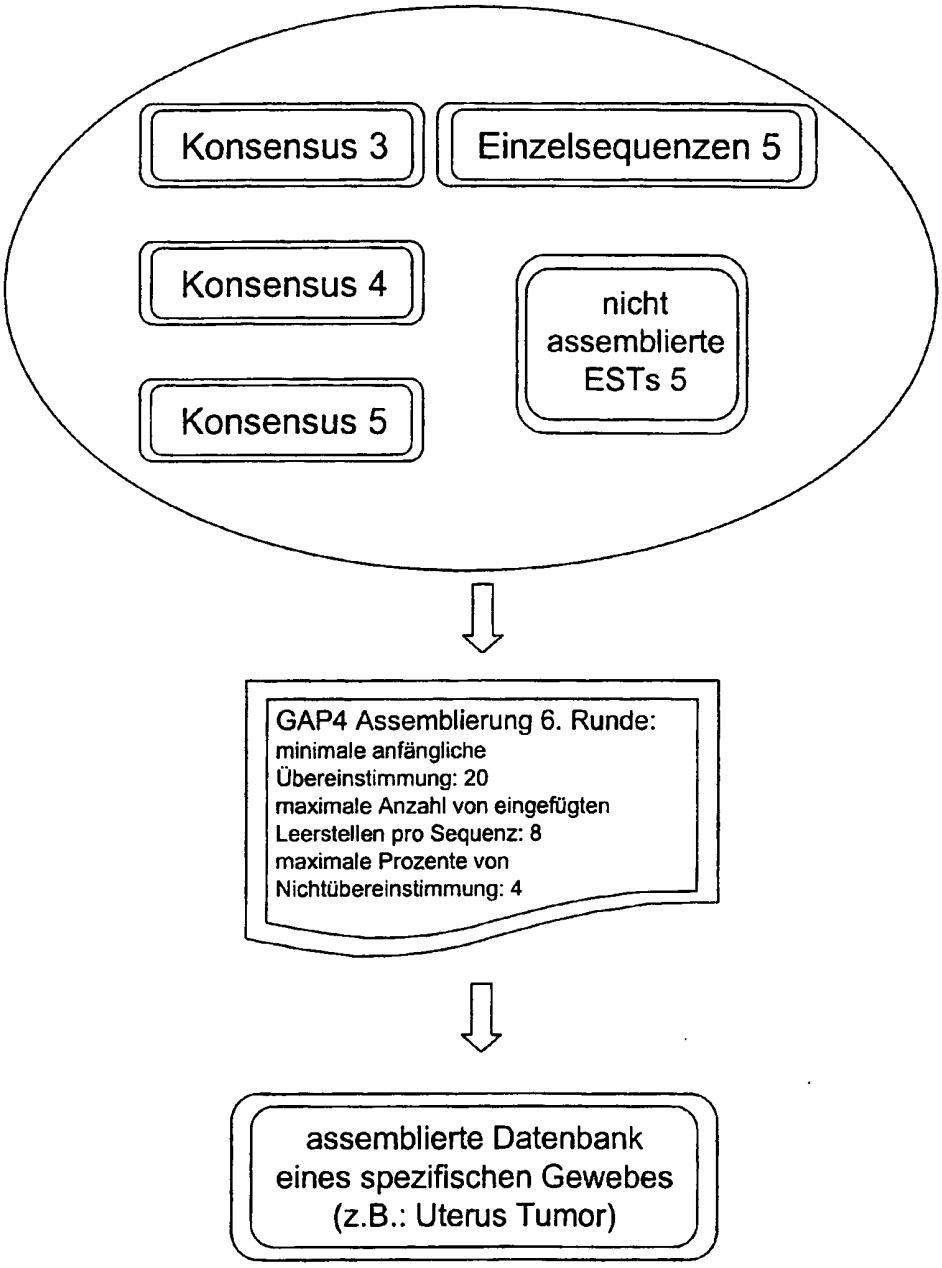

Konsensus 3
Einzelsequenzen 5
Konsensus 4
nicht assemblierte ESTs 5
Konsensus 5
GAP4 Assemblierung 6. Runde:
minimale anfängliche Übereinstimmung: 20
maximale Anzahl von eingefügten Leerstellen pro Sequenz: 8
maximale Prozente von Nichtübereinstimmung: 4
assemblierte Datenbank eines spezifischen Gewebes (z.B.: Uterus Tumor)

Fig. 2b3

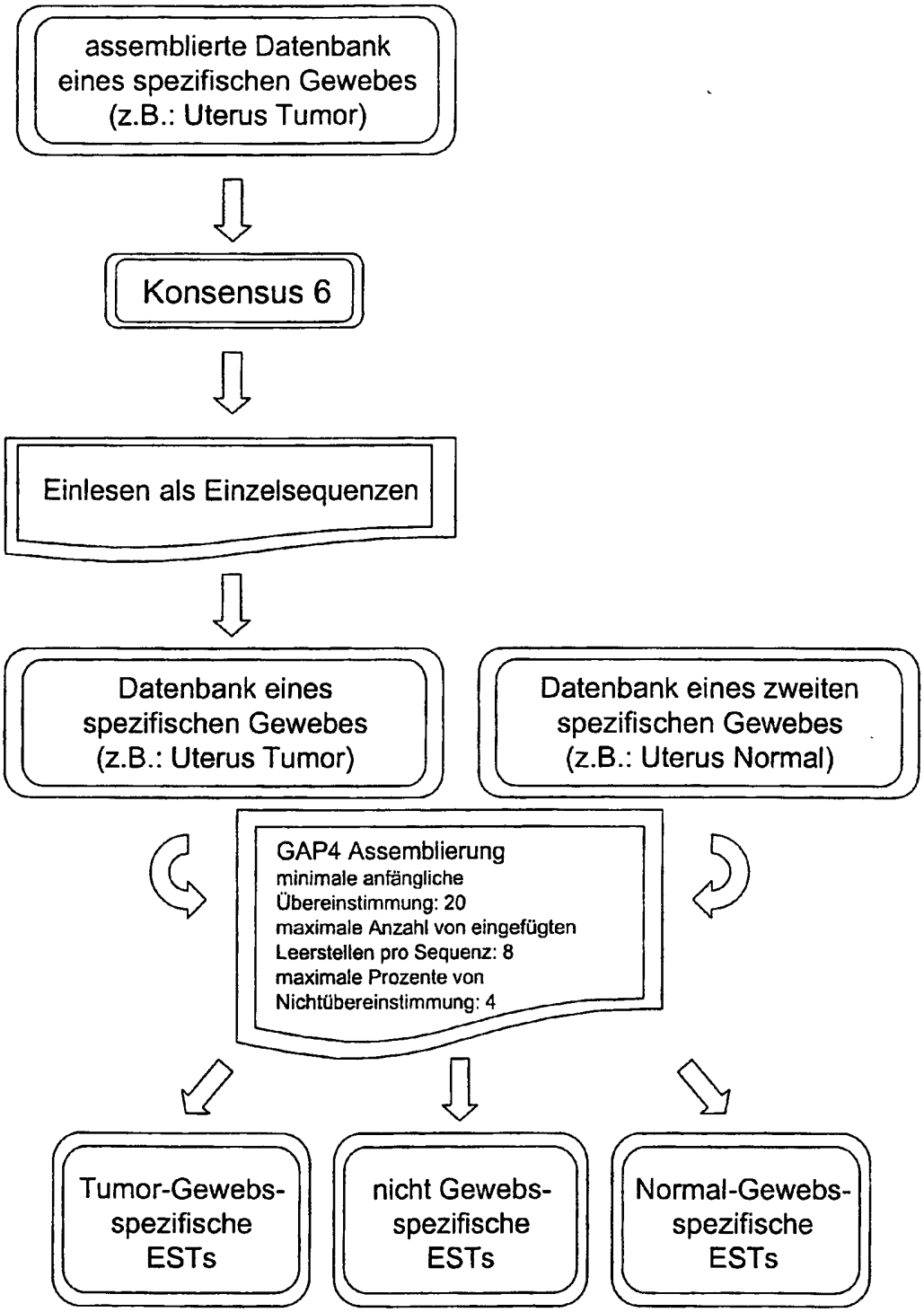

assemblierte Datenbank eines spezifischen Gewebes (z.B.: Uterus Tumor)
Konsensus 6
Einlesen als Einzelsequenzen
Datenbank eines spezifischen Gewebes (z.B.: Uterus Tumor)
Datenbank eines zweiten spezifischen Gewebes (z.B.: Uterus Normal)
GAP4 Assemblierung
minimale anfängliche Übereinstimmung: 20
maximale Anzahl von eingefügten Leerstellen pro Sequenz: 8
maximale Prozente von Nichtübereinstimmung: 4
Tumor-Gewebs-spezifische ESTs
nicht Gewebs-spezifische ESTs
Normal-Gewebs-spezifische ESTs

Fig. 2b4

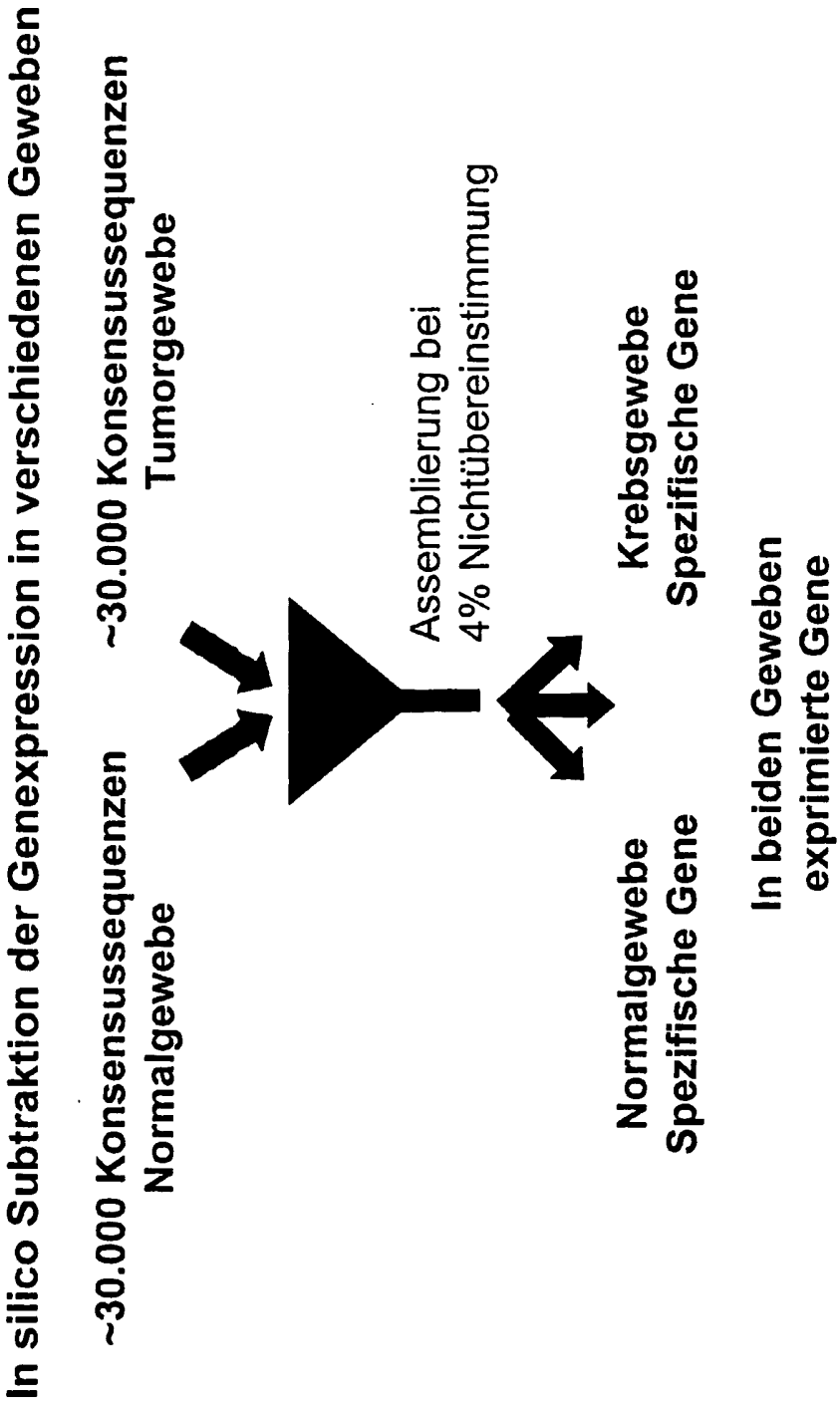

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe
~30.000 Konsensussequenzen
Tumorgewebe
Assemblierung bei
4% Nichtübereinstimmung
Normalgewebe
Spezifische Gene
Krebsgewebe
Spezifische Gene
In beiden Geweben
exprimierte Gene

Fig. 3

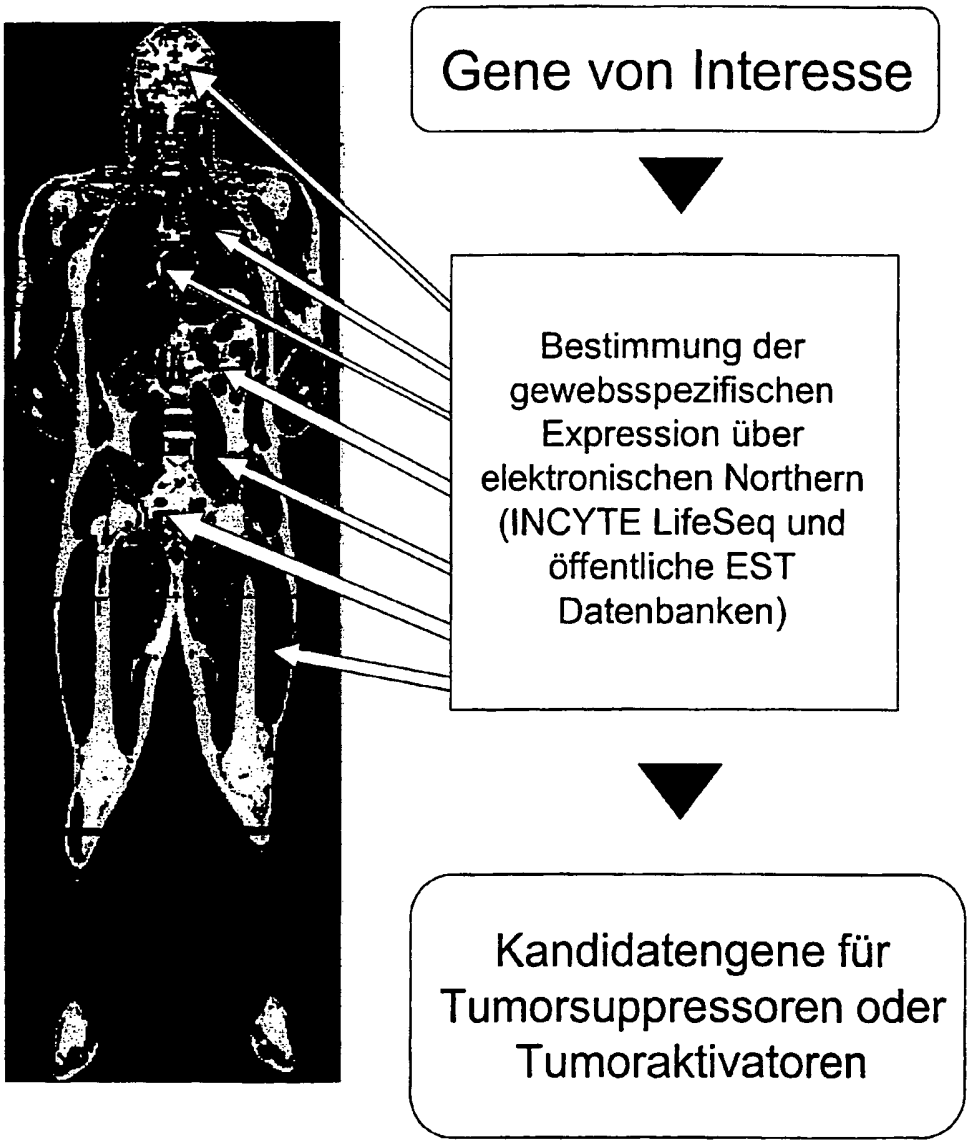

Gene von Interesse
Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern (INCYTE LifeSeq und öffentliche EST Datenbanken)
Kandidatengene für Tumorsuppressoren oder Tumoraktivatoren

Fig. 4a

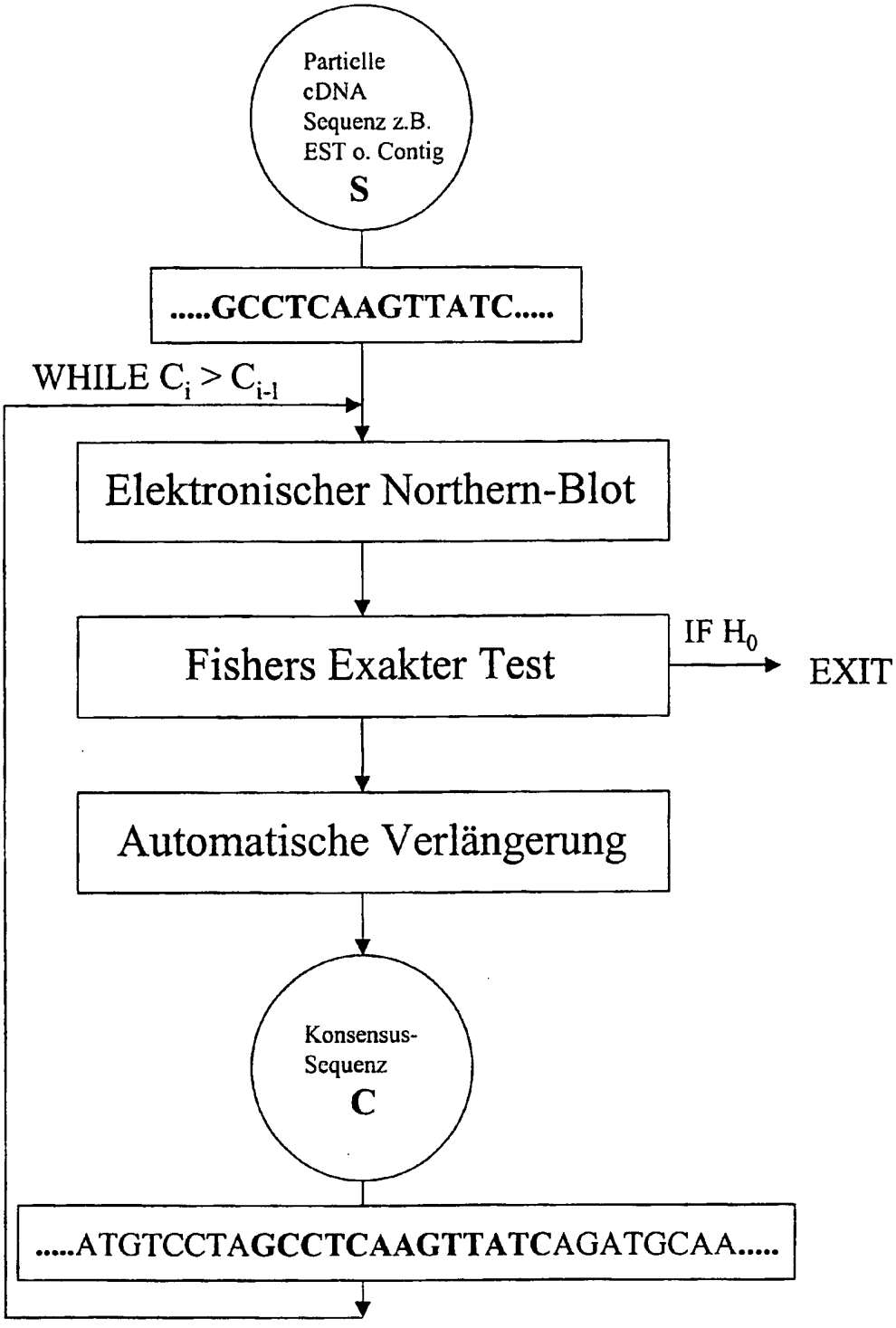

Particlle
cDNA
Sequenz z.B.
EST o. Contig
S
.....GCCTCAAGTTATC.....
WHILE $C_i > C_{i-1}$
Elektronischer Northern-Blot
Fishers Exakter Test
IF H_0
EXIT
Automatische Verlängerung
Konsensus-
Sequenz
C
.....ATGTCCTAGCCTCAAGTTATCAGATGCAA.....

Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

PCT WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6 : C12N 15/12, C07K 14/47, 16/18, C12N 1/21, 5/10, 15/10, 15/62, 15/70, 15/79, C12Q 1/68, G01N 33/68, A61K 38/17, 48/00	A3	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: **WO 99/54448** (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 28. Oktober 1999 (28.10.99)

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01178

(22) Internationales Anmeldedatum: 15. April 1999 (15.04.99)

(30) Prioritätsdaten:
198 17 947.2 17. April 1998 (17.04.98) DE

(71) Anmelder *(für alle Bestimmungsstaaten ausser US)*: METAGEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D–14195 Berlin (DE).

(72) Erfinder; und
(75) Erfinder/Anmelder *(nur für US)*: SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D–12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D–13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D–14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich–Lange–Strasse 13c, D–01474 Schönfeld–Weissig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore–Procheska–Strasse 6, D–14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D–10115 Berlin (DE).

(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).

Veröffentlicht
Mit internationalem Recherchenbericht.

(88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenberichts: 6. Juli 2000 (06.07.00)

(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES, INCREASED EXPRESSION THEREOF IN UTERUS MYOMA TISSUE

(54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄUREFRAGMENTE, DEREN EXPRESSION IN UTERUSMYOMGEWEBEERHOEHT IST

(57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences (mRNA, cDNA, genomic sequences) of uterus myoma tissue, coding for genetic products or parts thereof, in addition to the use thereof. The invention also relates to the polypeptides obtained according to said sequences and to the use thereof.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Uterusmyomgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland			TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko		
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun			PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No
PCT/DE 99/01178

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER
IPC 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 C12N1/21 C12N5/10
C12N15/10 C12N15/62 C12N15/70 C12N15/79 C12Q1/68
G01N33/68 A61K38/17 A61K48/00

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)
IPC 6 C07K C12N C12Q

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category °	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	SINGH, M. ET AL.: "Decreased expression of functional human chorionic gonadotropin/ luteinizing hormone receptor gene in human uterine leiomyomas" BIOLOGY OF REPRODUCTION, vol. 53, 1995, pages 591-597, XP002128937 Page 594, Right-hand coloumn, "Results" ---	1
A	LESSL, M. ET AL.: "Comparative messenger ribonucleic acid analysis of immediate early genes and sex steroid receptors in human leiomyoma and healthy myometrium" THE JOURNAL OF CLINICAL ENDOCRINOLOGY AND METABOLISM, vol. 82, no. 8, 1997, pages 2596-2600, XP002128938 figures 1 and 4 --- -/--	1

[X] Further documents are listed in the continuation of box C. [] Patent family members are listed in annex.

° Special categories of cited documents :

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
"E" earlier document but published on or after the international filing date
"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed
"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search	Date of mailing of the international search report
31 January 2000	20. 04. 00

Name and mailing address of the ISA	Authorized officer
European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3016	Alt, G

Form PCT/ISA/210 (second sheet) (July 1992)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No
PCT/DE 99/01178

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category °	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	Hillier, L. et al.:"The WashU-Merck EST Project": zo28d01.r1 Stratagene colon; Homo sapiens cDNA clone 588193 5' EMBL DATABASE ENTRY HSAA35169: ACCESSION NUMBER AA135168, 10 December 1996 XP002128940 See the whole document	1-3, 5-10,23, 24,26, 34,38
X	Adams M.D. et al. EST43874, endometrial tumor Homo sapiens cDNA 5' end EMBL DATABASE ENTRY HSZZ43104; ACCESSION NUMBER AA338040; 18 April 1997 XP002128941 See the whole document	1-3, 5-10,23, 24,26, 34,38
X	Hillier, L. et al.:"The WashU-Merck EST Project": ze64a03.r1 Soares retina N2b4HR homo sapiens cDNA clone 363724 5' EMBL DATABASE ENTRY HSAA20113; ACCESSION NUMBER AA20869, 27 November 1996 XP002128942 See the whole document	1-3, 5-10,24, 26,34,38
A	COLLINS, J.: "Phage display" ANNUAL REPORT IN COMBINATORIYL CHEMISTRY AND MOLECULAR DIVERSITY, vol. 1, - 1997 pages 210-262, XP000770016	22,25
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new DNA sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 23, 1995, pages 4992-4999, XP000872808 cited in the application	1
A	SCHULER, G.D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH, vol. 7, - 1997 pages 541-550, XP002127628 cited in the application	
T	SCHMITT, A.O. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumor tissue" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 27, no. 21, 1 November 1999 (1999-11-01), pages 4251-4260, XP000872807	1

2

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/DE 99/01178

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:

2. ☒ Claims Nos.: 35-37
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
See supplemental sheet ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

See supplemental sheet

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.

2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.

3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:

4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:
1-38 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos.14 and 32-34

Remark on Protest

☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.

☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

International application No.
PCT/DE 99/01178

ADDITIONAL MATTER PCT/ISA 210

Continuation of box I.2
Claims Nos. 35-37

Claims Nos. 35-37 relate to a disproportionately large number of possible products and the uses thereof that are neither supported by the description according to the terms of Article 6 PCT nor able to be considered disclosed according to the terms of Article 5 PCT. In the present case, the patent claims lack the appropriate support and the patent application lacks the required disclosure to such an extent that a meaningful search encompassing the entire scope of protection sought seems impossible. For this reason, no search was carried out for said products and uses thereof.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/DE 99/01178

ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

1. Claims Nos. 1-38 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos 14 and 32-34)

2. Claims Nos. 1-38 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos 15 and 35-37)

3. Claims Nos. 1-38 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos 16 and 38 and 39)

4. Claims Nos. 1-38 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos. 17 and 40 and 42)

5. Claims Nos. 1-38 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos 18 and 43-45)

6. Claims Nos. 1-38 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos 30 and 46 and 47)

7. Claims Nos. 1-38 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos 31 and 48-51)

8. Claims Nos. 1-38 (in part, in so far as they relate to SEQ ID Nos 52 and 53-55)

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Inter nales Aktenzeichen
PCT/DE 99/01178

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES
IPK 6 C12N15/12 C07K14/47 C07K16/18 C12N1/21 C12N5/10
C12N15/10 C12N15/62 C12N15/70 C12N15/79 C12Q1/68
G01N33/68 A61K38/17 A61K48/00

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierter Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)
IPK 6 C07K C12N C12Q

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	SINGH, M. ET AL.: "Decreased expression of functional human chorionic gonadotropin/ luteinizing hormone receptor gene in human uterine leiomyomas" BIOLOGY OF REPRODUCTION, Bd. 53, 1995, Seiten 591-597, XP002128937 Seite 594, rechte Spalte, "Results" ---	1
A	LESSL, M. ET AL.: "Comparative messenger ribonucleic acid analysis of immediate early genes and sex steroid receptors in human leiomyoma and healthy myometrium" THE JOURNAL OF CLINICAL ENDOCRINOLOGY AND METABOLISM, Bd. 82, Nr. 8, 1997, Seiten 2596-2600, XP002128938 Figur 1 und 4 --- -/--	1

[X] Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

[] Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :
"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist
"E" älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist
"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)
"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht
"P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist
"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist
"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden
"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist
"&" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche	Absendedatum des internationalen Recherchenberichts
31. Januar 2000	20. 04. 00

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde	Bevollmächtigter Bediensteter
Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3016	Alt, G

Formblatt PCT/ISA/210 (Blatt 2) (Juli 1992)

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internales Aktenzeichen
PCT/DE 99/01178

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	Hillier, L. et al.:"The WashU-Merck EST Project": zo28d01.r1 Stratagene colon; Homo sapiens cDNA clone 588193 5' EMBL DATABASE ENTRY HSAA35169; ACCESSION NUMBER AA135168, 10. Dezember 1996 XP002128940 das gesamte Dokument	1-3, 5-10,23, 24,26, 34,38
X	Adams M.D. et al. EST43874, endometrial tumor Homo sapiens cDNA 5' end EMBL DATABASE ENTRY HSZZ43104; ACCESSION NUMBER AA338040; 18. April 1997 XP002128941 das gesamte Dokument	1-3, 5-10,23, 24,26, 34,38
X	Hillier, L. et al.:"The WashU-Merck EST Project": ze64a03.r1 Soares retina N2b4HR homo sapiens cDNA clone 363724 5' EMBL DATABASE ENTRY HSAA20113; ACCESSION NUMBER AA20869, 27. November 1996 XP002128942 das gesamte Dokument	1-3, 5-10,24, 26,34,38
A	COLLINS, J.: "Phage display" ANNUAL REPORT IN COMBINATORIYL CHEMISTRY AND MOLECULAR DIVERSITY, Bd. 1, - 1997 Seiten 210-262, XP000770016	22,25
A	BONFIELD, J. ET AL.: "A new DNA sequence assembly program" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, Bd. 23, 1995, Seiten 4992-4999, XP000872808 in der Anmeldung erwähnt	1
A	SCHULER, G.D.: "Sequence mapping by electronic PCR" GENOME RESEARCH, Bd. 7, - 1997 Seiten 541-550, XP002127628 in der Anmeldung erwähnt	
T	SCHMITT, A.O. ET AL.: "Exhaustive mining of EST libraries for genes differentially expressed in normal and tumor tissue" NUCLEIC ACIDS RESEARCH, Bd. 27, Nr. 21, 1. November 1999 (1999-11-01), Seiten 4251-4260, XP000872807	1

2

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

In. ationales Aktenzeichen
PCT/DE 99/01178

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr.
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich

2. ☒ Ansprüche Nr. 35-37
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich
Siehe Zusatzblatt WEITERE ANGABEN PCT/ISA/210

3. ☐ Ansprüche Nr.
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

Siehe Zusatzblatt

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.

2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchengebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.

3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr.

4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchengebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen erfaßt:

1 - 38 (teilweise, soweit sie sich auf SEQ ID Nos 14 sowie 32-34 beziehen)

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.

☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchengebühren erfolgte ohne Widerspruch.

WEITERE ANGABEN **PCT/ISA/** 210

Fortsetzung von Feld I.2

Ansprüche Nr.: 35-37

Die geltenden Patentansprüche 35-37 beziehen sich auf eine unverhältnismäßig große Zahl möglicher Produkte und deren Verwendungen, welche sich weder im Sinne von Art. 6 PCT auf die Beschreibung stützen noch als im Sinne von Art.5 PCT in der Patentanmeldung als offenbart gelten können. Im vorliegenden Fall fehlt den Patentansprüchen die entsprechende Stütze und fehlt der Patentanmeldung die nötige Offenbarung in einem solchen Maße, daß eine sinnvolle Recherche über den gesamten erstrebten Schutzbereich unmöglich erscheint. Daher wurde keine Recherche für besagte Produkte und deren Verwendungen ausgeführt.

WEITERE ANGABEN PCT/ISA/ 210

1. Ansprüche: 1-38 (teilweise, soweit sie sich auf SEQ ID Nos 14 sowie 32-34 beziehen)

2. Ansprüche: 1-38 (teilweise, soweit sie sich auf SEQ ID Nos 15 sowie 35-37 beziehen)

3. Ansprüche: 1-38 (teilweise, soweit sie sich auf SEQ ID Nos 16 sowie 38 und 39 beziehen)

4. Ansprüche: 1-38 (teilweise, soweit sie sich auf SEQ ID Nos 17 sowie 40-42 beziehen)

5. Ansprüche: 1-38 (teilweise, soweit sie sich auf SEQ ID Nos 18 sowie 43-45 beziehen)

6. Ansprüche: 1-38 (teilweise, soweit sie sich auf SEQ ID Nos 30 sowie 46 und 47 beziehen)

7. Ansprüche: 1-38 (teilweise, soweit sie sich auf SEQ ID Nos 31 sowie 48-51 beziehen)

8. Ansprüche: 1-38 (teilweise, soweit sie sich auf SEQ ID Nos 52 sowie 53-55 beziehen)